

WEST



Generate Collection

Print

L2: Entry 11 of 14

File: JPAB

May 11, 1999

PUB-NO: JP411123080A

DOCUMENT-IDENTIFIER: JP 11123080 A

TITLE: GENE FOR RAFFINOSE SYNTHETASE, PRODUCTION OF RAFFINOSE AND TRANSFORMED PLANT

PUBN-DATE: May 11, 1999

## INVENTOR-INFORMATION:

NAME

COUNTRY

OOSUMI, CHIEKO

NOZAKI, YASUSHI

KIDA, TAKAO

## ASSIGNEE-INFORMATION:

NAME

COUNTRY

AJINOMOTO CO INC

APPL-NO: JP09292969

APPL-DATE: October 24, 1997

INT-CL (IPC): C12 N 15/09; A01 H 5/00; C12 N 9/00

## ABSTRACT:

PROBLEM TO BE SOLVED: To obtain raffinose synthetase having activity for producing raffinose from sucrose and galactinol, capable of changing a content of oligosaccharide belonging to a raffinose group in plants, and useful in e.g. food materials.

SOLUTION: This synthetase has activity for producing raffinose from sucrose and galactinol and has the following physicochemical properties; action and substrate specificity, to produce raffinose from sucrose and galactinol; optimum pH, 6-8; optimum temperature, 35-40

COPYRIGHT: (C)1999, JPO

(19) 日本国特許庁 (J P)

(12) 公開特許公報 (A)

(11) 特許出願公開番号

特開平11-123080

(43) 公開日 平成11年(1999) 5月11日

(51) Int.Cl. <sup>6</sup>	識別記号	F I	
C 1 2 N 15/09	Z N A	C 1 2 N 15/00	Z N A A
A 0 1 H 5/00		A 0 1 H 5/00	A
C 1 2 N 9/00		C 1 2 N 9/00	
// (C 1 2 N 9/00			
C 1 2 R 1:19)			
審査請求 未請求 請求項の数17 O L (全 37 頁)			

(21) 出願番号	特願平9-292969	(71) 出願人	000000066 味の素株式会社 東京都中央区京橋1丁目15番1号
(22) 出願日	平成9年(1997)10月24日	(72) 発明者	大住 千栄子 神奈川県川崎市川崎区鈴木町1-1 味の素株式会社中央研究所内
		(72) 発明者	野崎 甚司 神奈川県川崎市川崎区鈴木町1-1 味の素株式会社中央研究所内
		(72) 発明者	木田 隆夫 神奈川県川崎市川崎区鈴木町1-1 味の素株式会社中央研究所内
		(74) 代理人	弁理士 遠山 勉 (外2名)

(54) 【発明の名称】 ラフィノース合成酵素遺伝子、ラフィノースの製造法及び形質転換植物

(57) 【要約】

【課題】 ラフィノース合成酵素を同定し、効率のよいラフィノースの製造法を提供する。

【解決手段】 下記性質を有するラフィノース合成酵素をスクロースとガラクトキノールに作用させ、ラフィノースを生成させる。

(1) 作用及び基質特異性: スクロースとガラクトキノールからラフィノースを生成する。

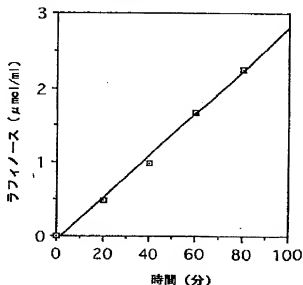
(2) 至適pH: 約6~8

(3) 至適温度: 約35~40℃

(4) 分子量:

①ゲルろ過クロマトグラフィーにより測定される分子量: 約75kDa~95kDa ②ボリアクリルアミドゲル電気泳動 (Native PAGE) により測定される分子量: 約90kDa~100kDa ③還元条件下におけるSDS-ボリアクリルアミドゲル電気泳動 (SDS-PAGE) により測定される分子量: 約90kDa~100kDa

(5) 阻害: ヨードアセトアミド、N-エチルマレイミド、ミオイノシトールにより阻害される。



## 【特許請求の範囲】

【請求項1】 スクロースとガラクトースからラフィノースを生成する活性を有するラフィノース合成酵素。

【請求項2】 下記(A)、(B)、(C)又は(D)に示すタンパク質であるラフィノース合成酵素。

(A) 配列表の配列番号5に記載のアミノ酸配列を有するタンパク質。

(B) 配列表の配列番号5に記載のアミノ酸配列において、1若しくは複数のアミノ酸の置換、欠失、挿入、付加、又は逆位を含むアミノ酸配列からなり、かつ、スクロースとガラクトースからラフィノースを生成する活性を有するタンパク質。

(C) 配列表の配列番号24に記載のアミノ酸配列を有するタンパク質。

(D) 配列表の配列番号24に記載のアミノ酸配列において、1若しくは複数のアミノ酸の置換、欠失、挿入、付加、又は逆位を含むアミノ酸配列からなり、かつ、スクロースとガラクトースからラフィノースを生成する活性を有するタンパク質。

【請求項3】 下記性質を有する請求項1記載のラフィノース合成酵素。

(1) 作用及び基質特性：スクロースとガラクトースからラフィノースを生成する。

(2) 至適pH：約6～8

(3) 至適温度：約35～40℃

(4) 分子量：

①ゲル透過クロマトグラフィーにより測定される分子量：約75kDa～95kDa

②ポリアクリルアミドゲル電気泳動により測定される分子量：約90kDa～100kDa

③還元条件下におけるSDS-ポリアクリルアミドゲル電気泳動により測定される分子量：約90kDa～100kDa

(5) 阻害：ヨードアセトアミド、N-エチルmaleimide、ミオイノシトールにより阻害される。

【請求項4】 アミノ酸配列中に、配列表の配列番号28～30に示す各アミノ酸配列を含む請求項1記載のラフィノース合成酵素。

【請求項5】 下記(C)又は(D)に示すタンパク質であるラフィノース合成酵素。

(C) 配列表の配列番号24に記載のアミノ酸配列を有するタンパク質。

(D) 配列表の配列番号24に記載のアミノ酸配列において、1若しくは複数のアミノ酸の置換、欠失、挿入、付加、又は逆位を含むアミノ酸配列からなり、かつ、スクロースとガラクトースからラフィノースを生成する活性を有するタンパク質。

【請求項6】 スクロース及びガラクトースに請求項1～5のいずれか一項に記載のラフィノース合成酵素を用いてラフィノースを生成させることを特徴とする

ラフィノースの製造方法。

【請求項7】 請求項1～5のいずれか一項に記載のラフィノース合成酵素をコードするDNA。

【請求項8】 下記(A)、(B)、(C)又は(D)に示すタンパク質をコードするDNA。

(A) 配列表の配列番号5に記載のアミノ酸配列を有するタンパク質。

(B) 配列表の配列番号5に記載のアミノ酸配列において、1若しくは複数のアミノ酸の置換、欠失、挿入、付加、又は逆位を含むアミノ酸配列からなり、かつ、スクロースとガラクトースからラフィノースを生成する活性を有するタンパク質。

(C) 配列表の配列番号24に記載のアミノ酸配列を有するタンパク質。

(D) 配列表の配列番号24に記載のアミノ酸配列において、1若しくは複数のアミノ酸の置換、欠失、挿入、付加、又は逆位を含むアミノ酸配列からなり、かつ、スクロースとガラクトースからラフィノースを生成する活性を有するタンパク質。

【請求項9】 下記(C)又は(D)に示すタンパク質をコードするDNA。

(C) 配列表の配列番号24に記載のアミノ酸配列を有するタンパク質。

(D) 配列表の配列番号24に記載のアミノ酸配列において、1若しくは複数のアミノ酸の置換、欠失、挿入、付加、又は逆位を含むアミノ酸配列からなり、かつ、スクロースとガラクトースからラフィノースを生成する活性を有するタンパク質。

【請求項10】 下記(a)、(b)、(c)又は

(d)に示すDNAである請求項8記載のDNA。

(a) 配列表の配列番号4に記載の塩基配列のうち、少なくとも塩基番号56～2407からなる塩基配列を含むDNA。

(b) 配列表の配列番号4に記載の塩基配列のうち、少なくとも塩基番号56～2407からなる塩基配列とストリンジントな条件下でハイブリダイズし、かつスクロースとガラクトースからラフィノースを生成する活性を有するタンパク質をコードするDNA。

(c) 配列表の配列番号23に記載の塩基配列のうち、少なくとも塩基番号156～2405からなる塩基配列を含むDNA。

(d) 配列表の配列番号23に記載の塩基配列のうち、少なくとも塩基番号156～2405からなる塩基配列とストリンジントな条件下でハイブリダイズし、かつスクロースとガラクトースからラフィノースを生成する活性を有するタンパク質をコードするDNA。

【請求項11】 下記(C)又は(d)に示すDNAである請求項9記載のDNA。

(c) 配列表の配列番号23に記載の塩基配列のうち、少なくとも塩基番号156～2405からなる塩基配列

を含むDNA。

(d) 配列表の配列番号23に記載の塩基配列のうち、少なくとも塩基番号156～2405からなる塩基配列とストリンジェントな条件下でハイブリダイズし、かつスクロースとガラクトキノールからラフィノースを生成する活性を有するタンパク質をコードするDNA。

【請求項12】 下記(e)又は(f)に示すDNA。

(e) 配列表の配列番号4に記載の塩基配列のうち、少なくとも塩基番号56～2407からなる塩基配列若しくはその相補的塩基配列とストリンジェントな条件下でハイブリダイズするDNA。

(f) 配列表の配列番号23に記載の塩基配列のうち、少なくとも塩基番号156～2405からなる塩基配列若しくはその相補的塩基配列とストリンジェントな条件下でハイブリダイズするDNA。

【請求項13】 ラフィノース合成酵素遺伝子又はその一部と、植物細胞で発現可能な転写制御領域とを含むキメラ遺伝子。

【請求項14】 前記ラフィノース合成酵素遺伝子が、請求項7～11のいずれか一項に記載のDNAである請求項12記載のキメラ遺伝子。

【請求項15】 前記転写制御領域が、前記DNAのコード鎖に相補的な配列を有するアンチセンスRNAを発現するように前記DNAに連結されている請求項13又は14記載のキメラ遺伝子。

【請求項16】 請求項13～15のいずれか一項に記載のキメラ遺伝子で形質転換された植物。

【請求項17】 請求項13～15のいずれか一項に記載のキメラ遺伝子で植物を形質転換し、この遺伝子を植物細胞内で発現させることにより、前記植物のラフィノース糖含有量を変化させる方法。

【発明の詳細な説明】

【0001】

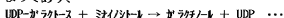
【発明の属する技術分野】本発明は、ラフィノース合成酵素、ラフィノース合成酵素もしくはラフィノース合成酵素を含む細胞抽出物を用いたラフィノースを合成する方法、ラフィノース合成酵素をコードするDNA、及びこのDNAの植物における利用に関する。ラフィノースは、ビフィス菌増殖活性を有し食品原料として、あるいは臓器保存液などの医薬品として様々な分野で利用されている。

【0002】

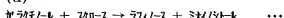
【従来の技術】ラフィノースは、スクロースのグルコシル基にガラクトースがα-1,6結合したラフィノース族オリゴ糖の一つである。ラフィノース族オリゴ糖には、ラフィノースの他に、ガラクトースが2つ結合したスタキオース、3つ結合したペルバコースなどがある。これらの糖は、豆類、ナタネ、新突など様々な植物の種子中の貯蔵糖と、キュウリやメロンなどワリ科植物にみられる転流糖として、また耐冷性を獲得したロゼツ

ト葉、甜菜(サトウダイコン)など植物に広く存在する。

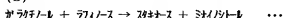
【0003】ラフィノース族オリゴ糖の生合成は、次のようであり、



(a)



(b)



(c)

各々の反応は(a)ガラクトキノール合成酵素(GS: EC 2.4.1.123)、(b)ラフィノース合成酵素(RS: EC 2.4.1.82)(c)スタキオース合成酵素(STS: EC2.4.1.67)により触媒される。

【0004】現在、ラフィノースは、甜菜から抽出され、スクロース精製過程において分離精製されている。しかし、ラフィノースはスクロースの結晶性を低下させるので、甜菜は低ラフィノースを目標に育種、改良され、甜菜中のラフィノース含量は0.03%から0.16%(Enzyme Microb. Technol., Vol.4 May, 130-135 (1982))と低い。従って、このような低含量の甜菜より効率的にラフィノースを得るのは容易ではない。

【0005】先に述べたように、ラフィノースは、ダイズをはじめとするマメ科の成熟種子に含まれているほか、甜菜、あるいはキュウリなどのワリ科植物に含まれている。ダイズの成熟種子中には、ガラクトオリゴ糖として、スクロース(含有量約5%)、スタキオース(同約4%)、ラフィノース(同約1%)が含まれている。これらのダイズオリゴ糖は、脱脂ダイズから除蛋白した画分に回収され、濃縮後、機能性食品などに利用されている。しかし、オリゴ糖全体の中でもラフィノースは10%であり、量的にも少ない。

【0006】一方、ラフィノースの酵素的合成法も報告されている(Trends in Glycoscience and Glycotechnology 7.34, 149-158(1995))。これは、α-ガラクトシダーゼの縮合反応によりガラクトビオースを合成し、さらにこのガラクトビオースをガラクトシル基の供与体としてスクロースにガラクトシル転移反応により転移させて、ラフィノースを合成する方法である。しかし、この反応は、乳糖加水分解物1.9kgよりガラクトビオースが350g合成され、ガラクトビオース190gとスクロース760gよりラフィノース100gが得られる反応であり、生成するラフィノースの収率が低く、効率的な合成法には至っていない。

【0007】以上のような方法の他に、生合成酵素遺伝子の形質転換により、ラフィノース含量の高い植物を育種する方法も考えられる。例えば、Kerrらはガラクトキノール合成酵素遺伝子をクローニングし、ナタネを形質転換した(WO93/02196)。しかし、その結果、GS活性は増加したが、ラフィノース族オリゴ糖は逆に低下

し、ガラクトキノール合成酵素を導入することによるラフィノース族オリゴ糖の生合成を増加させるという目的は達成されなかった。したがって、植物のラフィノース族オリゴ糖の含量を増加させる方法は提供されていない。

【0008】一方、ラフィノース族オリゴ糖を低減化することも求められている。先に述べたように、ラフィノース族オリゴ糖は、主に、ダイズなど豆類、ナタネ、綿実など様々な植物の種子中の貯蔵糖と、キュウリやメロンなどワリ科植物にみられる転流糖として、また、耐冷性を獲得したロゼット葉、甜菜、など植物に広く存在しており、ダイズ、ナタネ、綿実などの搾油されたミールには、これらのラフィノース族オリゴ糖が含まれている。これらミールのほとんどは、飼料として利用されているが、 $\alpha$ -ガラクトシダーゼを持たないヒトや動物は、直接ラフィノース族オリゴ糖を消化することはできない。さらに、ラフィノース族オリゴ糖は、腸内細菌が消化しガスを発生させるなどにより、飼料の代謝エネルギー効率を低下させることが知られており、飼料中のラフィノース族オリゴ糖を除くことで、トリの飼料効率が上昇したと報告されている (Coon, Proceeding Soybean Utilization Alternatives, University of Minnesota, 203-211 (1989))。このようなことから、ラフィノース族オリゴ糖の減少したダイズ、ナタネ、綿実などの飼料作物が望まれている。

【0009】また、これらの植物の中では、油の含量を多くする育種がなされてきた。光合成産物は、油脂、タンパク質、ラフィノース族オリゴ糖を含む糖質に分配されている。ダイズでは、油脂量と糖質量に負の相関があることが報告されている。ラフィノース族オリゴ糖の生成を抑制することにより、同じ光合成の能力のダイズにおいて油脂含量を増加させることが期待できる。

【0010】以上の観点から、Kerrらは、交配選抜育種により、ラフィノース族オリゴ糖が80%から90%低下した低ラフィノース族オリゴ糖ダイズ品種を作出したと報告している (W093/00742)。しかしこれは、品種の作出であり、栽培適性や、耐病性などに対応した様々な品種に応用できるものではない。また、広く様々な植物に適用できるものではない。

【0011】甜菜、サウキビタなどにも含まれるラフィノースは、砂糖の結晶性を低下させることが知られている。従って、ラフィノースの生成がなければ、これら植物での砂糖の生成効率が上がることが期待できるが、ラフィノースを含まないテンサイは作出されていない。

【0012】上述したように、従来開発されたラフィノース合成酵素は、酵素活性として確認されているのみであり、酵素の同定はなされていなかった。また、その活性も低いものであり、活性の高いラフィノース合成酵素が望まれていた。また、従来のラフィノースの製造法は収率が低く、効率のよいラフィノースの製造法が望ま

れていた。その一方で、ラフィノース族オリゴ糖が低減化された植物を育種することも望まれている。

#### 【0013】

【発明が解決しようとする課題】本発明は、上記観点からなされたものであり、活性の高いラフィノース合成酵素及びこれをコードするDNAの取得、効率的なラフィノースの酵素的合成法、及びラフィノース合成酵素をコードするDNAの植物における利用法を提供することを課題とする。

#### 10 【0014】

【課題を解決するための手段】本発明者は、上記課題を解決するために鋭意検討を行った結果、キュウリからラフィノース合成酵素を精製することに成功した。また、このラフィノース合成酵素をコードする遺伝子をクローニングするために、本発明者らは鋭意検討を行った。その結果、キュウリのラフィノース合成酵素ベータ断片のアミノ酸配列より推定した塩基配列をもとに一本鎖DNAを化学合成し、この一本鎖合成DNAをプライマーとして、キュウリから抽出したpoly(A)+RNAより作製したcDNAを鋳型としてPCRを行い、ラフィノース合成酵素遺伝子に特異的なDNA断片を得た。さらに、このDNA断片をプローブとしてキュウリ由来cDNAライブラリーに対しハイブリダイゼーションを行い、ラフィノース合成酵素遺伝子を単離する方法を採用し、ラフィノース合成酵素遺伝子を単離した。また、キュウリ由来ラフィノース合成酵素遺伝子の情報をもとにダイズ由来ラフィノース合成酵素遺伝子をクローニングするために鋭意研究を行い、その結果、ダイズ由来ラフィノース合成酵素遺伝子を単離した。この単離したラフィノース合成酵素遺伝子断片を用い、植物で発現可能な制御領域を有するキメラ遺伝子を作成し、植物を形質転換した。さらに、導入したラフィノース合成酵素遺伝子により、ラフィノース族オリゴ糖の低減化した植物を作出するに至った。

【0015】すなわち本発明は、スクロースとガラクトキノールからラフィノースを生成する活性を有するラフィノース合成酵素を提供する。好ましくは、本発明は、下記(A)、(B)、(C)又は(D)に示すタンパク質であるラフィノース合成酵素を提供する。

40 (A) 配列表の配列番号5に記載のアミノ酸配列を有するタンパク質。

(B) 配列表の配列番号5に記載のアミノ酸配列において、1若しくは数個のアミノ酸の置換、欠失、挿入、付加、又は逆位を含むアミノ酸配列からなり、かつ、スクロースとガラクトキノールからラフィノースを生成する活性を有するタンパク質。

(C) 配列表の配列番号24に記載のアミノ酸配列を有するタンパク質。

50 (D) 配列表の配列番号24に記載のアミノ酸配列において、1若しくは数個のアミノ酸の置換、欠失、挿入、

付加、又は逆位を含むアミノ酸配列からなり、かつ、スクロースとガラクトースからラフィノースを生成する活性を有するタンパク質。

【0016】また、本発明は、下記性質を有するラフィノース合成酵素を提供する。

(1) 作用及び基質特異性：スクロースとガラクトースからラフィノースを生成する。

(2) 至適pH：約6～8

(3) 至適温度：約35～40℃

(4) 分子量：

①ゲルろ過クロマトグラフィーにより測定される分子量：約75kDa～95kDa

②ポリアクリルアミドゲル電気泳動(Native PAGE)により測定される分子量：約90kDa～100kDa

③還元条件下におけるSDS-ポリアクリルアミドゲル電気泳動(SDS-PAGE)により測定される分子量：約90kDa～100kDa

(5) 阻害：ヨードアセトアミド、N-エチルmaleimide、ミオノシトールにより阻害される。

【0017】本発明は、上記ラフィノース合成酵素の具体的な態様として、アミノ酸配列中に、配列表配列番号28～30に示す各アミノ酸配列を含むラフィノース合成酵素を提供する。

【0018】また、本発明は、下記(C)又は(D)に示すタンパク質であるラフィノース合成酵素を提供する。

(C) 配列表の配列番号24に記載のアミノ酸配列を有するタンパク質。

(D) 配列表の配列番号24に記載のアミノ酸配列において、1若しくは複数のアミノ酸の置換、欠失、挿入、付加、又は逆位を含むアミノ酸配列からなり、かつ、スクロースとガラクトースからラフィノースを生成する活性を有するタンパク質。

【0019】本発明はまた、スクロース及びガラクトースに上記ラフィノース合成酵素を作用させてラフィノースを生成させることを特徴とするラフィノースの製造方法を提供する。

【0020】本発明はさらに、上記ラフィノース合成酵素をコードするDNA、及び、特に、下記(A)、(B)、(C)又は(D)に示すタンパク質をコードするDNAを提供する。

(A) 配列表の配列番号5に記載のアミノ酸配列を有するタンパク質。

(B) 配列表の配列番号5に記載のアミノ酸配列において、1若しくは複数のアミノ酸の置換、欠失、挿入、付加、又は逆位を含むアミノ酸配列からなり、かつ、スクロースとガラクトースからラフィノースを生成する活性を有するタンパク質。

(C) 配列表の配列番号24に記載のアミノ酸配列を有

するタンパク質。

(D) 配列表の配列番号24に記載のアミノ酸配列において、1若しくは複数のアミノ酸の置換、欠失、挿入、付加、又は逆位を含むアミノ酸配列からなり、かつ、スクロースとガラクトースからラフィノースを生成する活性を有するタンパク質。

【0021】本発明は、上記DNAの具体的な態様として、下記(a)、(b)、(c)又は(d)に示すDNAを提供する。

10 (a) 配列表の配列番号4に記載の塩基配列のうち、少なくとも塩基番号56～2407からなる塩基配列を含むDNA。

(b) 配列表の配列番号4に記載の塩基配列のうち、少なくとも塩基番号56～2407からなる塩基配列とストリンジントな条件下でハイブリダイズし、かつスクロースとガラクトースからラフィノースを生成する活性を有するタンパク質をコードするDNA。

(c) 配列表の配列番号23に記載の塩基配列のうち、少なくとも塩基番号156～2405からなる塩基配列を含むDNA。

20 (d) 配列表の配列番号23に記載の塩基配列のうち、少なくとも塩基番号156～2405からなる塩基配列とストリンジントな条件下でハイブリダイズし、かつスクロースとガラクトースからラフィノースを生成する活性を有するタンパク質をコードするDNA。

【0022】また、本発明は、ラフィノース合成酵素のアンチセンスRNAまたはセンスRNAを発現させるために使用できるDNA、すなわち、下記(e)又は(f)に示すDNAを提供する。

30 (e) 配列表の配列番号4に記載の塩基配列のうち、少なくとも塩基番号56～2407からなる塩基配列若しくはその相補的塩基配列とストリンジントな条件下でハイブリダイズするDNA。

(f) 配列表の配列番号23に記載の塩基配列のうち、少なくとも塩基番号156～2405からなる塩基配列若しくはその相補的塩基配列とストリンジントな条件下でハイブリダイズするDNA。

【0023】さらに本発明は、ラフィノース合成酵素遺伝子又はその一部と、植物細胞で発現可能な転写制御領域を含むキメラ遺伝子、及び、このキメラ遺伝子で形質転換された植物を提供する。

【0024】また本発明は、前記キメラ遺伝子で植物を形質転換し、この遺伝子を植物細胞内で発現させることにより、前記植物のラフィノース族オリゴ糖含量を変化させる方法を提供する。

【0025】以下、上記(1)～(5)に記載の性質を有するラフィノース合成酵素、又は、上記(A)、(B)、(C)及び(D)のタンパク質であるラフィノース合成酵素を、単に「ラフィノース合成酵素」という

50 ことがある。また、ラフィノース合成酵素をコードする

DNA、又はラフィノース合成酵素をコードし、さらに非翻訳領域を含むDNAを、「ラフィノース合成酵素遺伝子」ということがある。

【0026】

【発明の実施の形態】

以下、本発明を詳細に説明する。

<1>本発明のラフィノース合成酵素

本発明のラフィノース合成酵素は、下記(A)、

(B)、(C)又は(D)に示すタンパク質である。

(A) 配列表の配列番号5に記載のアミノ酸配列を有するタンパク質。

(B) 配列表の配列番号5に記載のアミノ酸配列において、1若しくは数個のアミノ酸の置換、欠失、挿入、付加、又は逆位を含むアミノ酸配列からなり、かつ、スクロースとガラクトースからラフィノースを生成する活性を有するタンパク質。

(C) 配列表の配列番号24に記載のアミノ酸配列を有するタンパク質。

(D) 配列表の配列番号24に記載のアミノ酸配列において、1若しくは数個のアミノ酸の置換、欠失、挿入、付加、又は逆位を含むアミノ酸配列からなり、かつ、スクロースとガラクトースからラフィノースを生成する活性を有するタンパク質。

【0027】本発明のラフィノース合成酵素には、下記性質を有するものが含まれる。

(1) 作用及び基質特異性: スクロースとガラクトースからラフィノースを生成する。

(2) 至適pH: 約6~8

(3) 至適温度: 約35~40℃

(4) 分子量:

①ゲルろ過クロマトグラフィーにより測定される分子量: 約75kDa~95kDa

②ポリアクリルアミドゲル電気泳動(Native PAGE)により測定される分子量: 約90kDa~100kDa

③還元条件下におけるSDS-ポリアクリルアミドゲル電気泳動(SDS-PAGE)により測定される分子量: 約90kDa~100kDa

(5) 阻害: ヨードアセチアミド、N-エチルマレイミド、ミオノシトールにより阻害される。

【0028】上記の性質を有するラフィノース合成酵素は、キュウリ本葉より単離、精製されたものであり、発明者により初めて同定された。このキュウリ由来のラフィノース合成酵素は、後記実施例に示すように、その酵素タンパク質のアミノ酸配列中に、配列表配列番号1~3、または、28~30に示す各アミノ酸配列を含んでいる。また、その全アミノ酸配列を、配列表配列番号5に示す。

【0029】ラフィノース合成酵素は、ウリ科植物、例えばメロン(*Cucumis melo*)、キュウリ(*Cucumis sativa*)

などの植物から得られる。特に、これらの植物の葉、特に葉脈部分、及び種子等の組織がラフィノース合成酵素の含有量が多い。

【0030】次に、本発明のラフィノース合成酵素の製造法の例として、キュウリからラフィノース合成酵素を単離・精製する方法を説明する。播種後6~10週間のキュウリ本葉より、葉脈部分を集め、液体窒素下で乳鉢等を用いて磨砕し、緩衝液を加えてタンパク質を抽出する。その際、ラフィノース合成酵素の分解、失活等を防ぐための物質、例えばPMSF(フェニルメタンスルホニルフルオリド)等のプロテアーゼ阻害剤や、ポリクラルアルAT(セルバ(Serva)社製)等を加えてもよい。この抽出液から過塩化ビニル心分離により不溶物を除去し、粗抽出液を得る。

【0031】上記のようにして得られる粗抽出液を、通常のタンパク質の精製法、例えば、陰イオン交換クロマトグラフィー、ハイドロキシアパタイトクロマトグラフィー、ゲルろ過、塩析等を組み合わせることで、ラフィノース合成酵素を精製することができる。

【0032】陰イオン交換クロマトグラフィーは、例えば、HiTrapQ(ファルマシア社製)等の強塩基性陰イオン交換体や、DEAE-TOYOPEARL(東ソー社製)等の弱塩基性陰イオン交換体を充填したカラムを用いることによって行うことができる。ラフィノース合成酵素を含む抽出液をこれらのカラムに通過させて酵素をカラムに吸着させ、カラムを洗浄した後に、高塩濃度の緩衝液を用いて酵素を溶出させる。その際、段階的に塩濃度を高めてもよく、濃度勾配をかけてもよい。

例えば、HiTrapQカラムを用いる場合には、カラムに吸着したラフィノース合成酵素活性は、0.3M程度のNaClで溶出される。また、DEAE-TOYOPEARLでは溶出液として0.05M~0.35MのNaCl濃度勾配が、ハイドロキシアパタイトクロマトグラフィーでは溶出液として0.01M~0.3Mのリン酸濃度勾配が好ましい。

【0033】上記の操作の順は特に問わず、また、各操作は2回又はそれ以上繰り返してもよい。また、それぞれのカラムに試料液を通過する前に、透析等によって試料液を適当な緩衝液に交換しておくことが望ましい。さらに、それぞれの段階で試料液を濃縮してもよい。

【0034】精製の各段階においては、分離されたフラクション中に含まれるラフィノース合成酵素活性を測定し、活性の高いフラクションを集めて次の段階に供試することが好ましい。ラフィノース合成酵素活性を測定する方法としては、例えば、Lehle, H. により報告されている放射性同位体を用いる方法(Eur. J. Biochem., 38, 103-110(1973))が挙げられる。また、この変化として、反応温度と基質濃度を変更してもよい。例えば、最終濃度として、1.0mM <sup>14</sup>C-スクロース、2.0mMガラ

## 11

クチノール、25mM HEPES (2-(4-(2-ヒドロキシ)-1-ヒペリジン)エチル硫酸)-NaOH、pH7.0、5mM DTT (ジチオスレイトール)を含む反応液に、100μlの酵素液を加えて50μlとする。これを、32℃、1時間インキュベートして反応を行い、200μlのエタノールを加え、95℃で30秒間加熱して、反応を停止する。この反応液の遠心上清をワットマン3M伊紙にスポットし、n-プロパノール:酢酸エチル:水=4:1:2にて展開した。<sup>14</sup>Cのラフィノースへの取り込みを調べ、これをラフィノース合成酵素活性(nmol/時間)とする。

【0035】本発明者は、上記の方法に代わる方法として、ラフィノース合成反応液により生成するラフィノースをHPLC(高速液体クロマトグラフィー)により定量することによって、ラフィノース合成酵素活性を測定する方法を開発した。この方法によれば、Lehle, Hらの方法に比べて簡便かつ迅速に測定することができ、特に精製操作における活性フラクションの検出には好適である。以下に本方法を説明する。

【0036】ラフィノース合成反応は、最終濃度が下記の組成になるように調製した反応液に10〜50μlのラフィノース合成酵素液を添加して100μlとし、32℃で60分間、反応を行う。

【反応液組成(最終濃度)】

2.5 mM スクロース

5 mM ガラクタノール

5 mM DTT

20 mM トリス塩酸緩衝液(pH7.0)

【0037】上記のようにして反応を行った後、反応液の4倍容のエタノールを加え、95℃で30秒間加熱して反応を停止する。これを遠心し、遠心上清を減圧乾燥した後、蒸留水に溶解し、HPLCにて反応生成物中のラフィノースを定量し、ラフィノース合成酵素活性とする。HPLCは、例えば、糖分析システムDX500 (Carbopac PAMカラム、パルスアンペロメトリ検出器(ダイオキセチル製))を用いて行うことができる。

【0038】反応時間を変化させたときの生成ラフィノース量を上記の方法により測定した結果を図1に示す。図から明らかなように、本方法により、ラフィノース合成酵素活性を直線性よく、かつ簡便に測定することができ、

【0039】精製されたラフィノース合成酵素の精製度の確認や分子量の測定は、ゲル電気泳動、ゲルろ過クロマトグラフィー等によって行うことができる。また、酵素活性の性質は、反応温度あるいは反応pHを変化させて酵素活性を測定し、あるいは種々の酵素阻害剤や金属イオン等を反応液に添加し、残存酵素活性を測定することによって、検討すればよい。さらに、ラフィノース合成酵素を種々のpH条件下又は温度条件下に一定時間さらした後に酵素活性を測定することにより、安定pH範囲

## 12

及び安定温度範囲を調べることができる。

【0040】前記したラフィノース合成酵素の性質は、このようにして決定されたものであるが、測定条件によって異なる結果が得られる場合があることに留意すべきである。例えば、ゲルろ過クロマトグラフィーによる分子量の測定は、用いるゲルろ過担体や緩衝液の種類、あるいは分子量マーカーによって、影響される。また、酵素活性は、同じpHであっても緩衝液の種類又は塩濃度によって異なることが多い。したがって、ラフィノース合成酵素の同定に際しては、個々の性質のみではなく、総合的な検討を行うことが好ましい。

【0041】本発明のラフィノース合成酵素は、上記のようにキュウリから単離・精製することによって得られるが、異種タンパク質の糖酵産生に通常用いられている方法によって、後述するキュウリ由来、ダイズ由来あるいはその他の植物由来のラフィノース合成酵素をコードするDNAを適当な宿主に導入し、発現させることによって製造することができる。

【0042】ラフィノース合成酵素遺伝子を発現させるための宿主としては、エシェリヒア・コリ(*Escherichia coli*)をはじめとする種々の原核細胞、サッカロマイセス・セレビシエ(*Saccharomyces cerevisiae*)をはじめとする種々の真核細胞が考えられるが、植物細胞、特にタバコ、キュウリ、シロイヌナズナ(アラビダシス)等の植物由来の細胞が望ましい。

【0043】形質転換に用いる組み換えプラスミドは、発現させようとする細胞の種類に応じた発現ベクターに、ラフィノース合成酵素をコードするDNAを挿入することによって調製可能である。植物の発現ベクターは、植物で働くプロモーターDNA配列、またはそれらを複数個組み合わせたものと、植物で働くターミネーターDNA配列を持ち、その間に外来遺伝子を挿入できる配列を有するものであればよい。

【0044】このようなプロモーターには、植物体全体で発現するCaMV 35SRNAプロモーター、CaMV 19SRNAプロモーター、ノバリン合成酵素プロモーター等、緑色組織で発現するRubisco小サブユニットプロモーター等、種子などの部位特異的に発現するナピン(napin)、ファセオリン(phaseolin)等の遺伝子のプロモーター等が挙げられる。さらに、上記のようなターミネーターとしてはノバリン合成酵素ターミネーター、Rubisco小サブユニット3'側部位等が挙げられる。

【0045】植物用の発現ベクターとしてpBI121、p35S-GFP (CLONTECH社製)等が市販されているのでこれを用いてもよい。ウイルスRNAを発現するベクターを用い、そのコードしている外皮タンパク質などの遺伝子をラフィノース合成酵素遺伝子に置換してもよい。



13

【0046】形質転換には通常用いられている方法、アグロバクテリウム法、パーティクルガン法、エレクトロポレーション法、PEG法等を、供試する宿主細胞に応じて用いられたい。ラフィノース合成酵素活性の検出には、ラフィノース合成酵素精製を行った方法を用いることができる。その際、試料を除イオン交換カラムに通すなどして、あらかじめ $\alpha$ -ガラクトシダーゼを除いておくことが望ましい。

【0047】キュウリ由来のラフィノース合成酵素をコードする遺伝子とは、発現した時にラフィノース合成酵素活性を有するものであればすべて含まれるが、好ましくは、配列表の配列番号5記載のアミノ酸配列をコードするDNAを有する遺伝子、又は配列表の配列番号4記載の塩基配列を有する遺伝子が挙げられる。また、グイズ由来のラフィノース合成酵素をコードする遺伝子とは、発現した時にラフィノース合成酵素活性を有するものであればすべて含まれるが、好ましくは、配列表の配列番号24記載のアミノ酸配列をコードするDNAを有する遺伝子、又は配列表の配列番号23記載の塩基配列を有する遺伝子が挙げられる。尚、配列表の配列番号5又は24記載のアミノ酸配列をコードする遺伝子とは、コドンの縮重を考慮すると種々の塩基配列が含まれる。即ち、このような種々の塩基配列の中から、遺伝子発現の諸要素、たとえば宿主細胞の種類等による優先コドン、転写されたRNAにより形成される高次構造の回避などを考慮して選択すればよい。選択された塩基配列は、自然界からクローニングされたDNAであっても、人為的に化学合成されたDNAであってもよい。

【0048】<2>本発明のラフィノース合成酵素をコードするDNA  
ラフィノース合成酵素をコードするDNAは、キュウリなどの植物体から単離したpoly(A)+RNAからcDNAライブラリーを調製し、このcDNAライブラリーをハイブリダイゼーションによってスクリーニングすることによって、取得することができる。ハイブリダイゼーションに用いるプローブは、ラフィノース合成酵素タンパク質の部分アミノ酸配列に基づいて合成されたオリゴヌクレオチドをプライマーとするPCR (polymerase chain reaction) によって増幅することによって、取得することができる。

【0049】以下に、キュウリ由来のpoly(A)+RNAから本発明のDNAを取得する方法を具体的に説明する。poly(A)+RNAの抽出部位としては、ラフィノース合成酵素遺伝子が発現していればキュウリ植物体のどこを用いても良く、様々な生長段階の葉、茎、蕾、果実、種子等より得ることができるが、望ましくは果実をつけた後の副葉、特に葉脈部分を材料とするのがよい。

【0050】キュウリ組織から全RNAを抽出するには、効率よく損傷の少ないRNAが得られるならば方法

14

は制限されず、例えば、フェノール/SDS法、グアニジンイソチオシアネート/塩化セシウム法等、公知のいずれの方法によっても可能である。こうして得た全RNAからオリゴ(dT)担体を用いてpoly(A)+RNAを分離できる。また、全RNAを抽出せずにpoly(A)+RNAを得ることのできるキット(MPG Direct mRNA Purification Kit、CPG、INC.社等)を使用してもよい。

【0051】cDNAライブラリーのスクリーニングに使用するプローブのDNA断片は、PCRを行うことで得ることができる。既にわかっているベアチ断片のアミノ酸配列、例えば配列表配列番号1〜3に示すアミノ酸配列より推定される塩基配列を有する一本鎖DNAを化学合成し、これをプライマーに用いてPCRを行う。プライマーには、得られているベアチ断片のアミノ酸配列のどの部分を用いてもよいが、コドンの縮重が少なく、複雑な高次構造を形成しないと思われる配列を選ぶのが望ましい。また、RACE (Rapid Amplification of cDNA End: PCR PROTOCOLS A Guide to Methods and Applications、ACADEMIC press INC. p28〜38)を行ってもよい。

【0052】このようなPCRの鑄型には、cDNAライブラリー、一本鎖cDNAを用いることが望ましい。PCR反応に逆転写酵素活性を有する耐熱性DNAポリメラーゼを用いる場合には、poly(A)+RNA、場合によっては全RNAを用いてもよい。

【0053】cDNAライブラリーを作製するために、まずpoly(A)+RNAを鑄型にし、オリゴ(dT)プライマー、ランダムプライマー等を用い、逆転写酵素によって一本鎖cDNAを合成し、次にグラーホフマン(Gubler and Hoffman)法、オカヤマーバーグ(Okayama-Berg)法(Molecular Cloning 2nd edition、Cold Spring Harbor press、1989)等により二本鎖cDNAを合成する。ラフィノース合成酵素遺伝子の発現量が少ない場合には、PCRを利用したcDNAライブラリー作製キット(Capfinder PCR cDNA Library Construction Kit (CLONTech社)等)を用いて、PCRによってcDNAを増幅してもよい。このようにして合成したcDNAは、平端末端化、リンカーの付加、PCRによる制限酵素サイトの付加等を行うことにより、ファージベクター、プラスミド等のクローニングベクターにクローニングできる。

【0054】ハイブリダイゼーション用のプローブには、上記のPCRで得られたDNA断片のうち、ラフィノース合成酵素cDNAに特徴的な部分を選ぶ。また、

5'末端端に近いDNA断片を選ぶのが望ましい。このように選んだ増幅DNA断片を、PCR反応液から精製する。この際、増幅したDNA断片をプラスミドを用いてサブクローニングし、プラスミドを大量調製してから制限酵素で切断し、電気泳動後にゲルを切り出して精製しても、また、プラスミドを鋳型にPCRを行って、目的部分だけを増幅して用いてもよい。さらには、最初に増幅したDNA断片の量が十分に多い場合には、増幅したDNA断片をサブクローニングせずに電気泳動し、目的DNA断片のバンドを含むゲル断片を切り出し、そのゲル断片から精製してもよい。

【0055】cDNAライブラリーから目的クローンを得るためのスクリーニングにはハイブリダイゼーションを行う。上記の方法で得られたDNA断片はラベルしてハイブリダイゼーションのプロープとすることができる。ラベルにはラジオアイソトープ、ビオチン等、種々のものを用いることができるが、ランダムプライミング法でラベルすることが望ましい。また、スクリーニングにはハイブリダイゼーションではなくPCRを用いてもよい。さらに、ハイブリダイゼーションとPCRを組み合わせてもよい。上記のようにして得られたキュウリ由来のラフィノース合成酵素をコードするDNAの塩基配列、及びこの塩基配列から推定されるアミノ酸配列を配列表配列番号44に例示する。また、このアミノ酸配列のみを配列番号5に示す。後記実施例3で得られたラフィノース合成酵素をコードするDNAを含むDNA断片を含むプラスミドpMos10xCRSを保持するエシエリヒア・コリJM109の形質転換体AJ13263は、平成8年11月19日より、通商産業省工業技術院生命工学工業技術研究所（郵便番号305 日本国茨城県つくば市東一丁目1番3号）にブダベスト条約に基づき国際寄託されており、受託番号FERMBP-5748が付与されている。

【0056】さらに、上記のようにして一つの植物から得られたラフィノース合成酵素遺伝子を利用して、他の植物からラフィノース合成酵素遺伝子を取得できる。ラフィノース合成酵素を得るための植物としては先に述べたラフィノースを合成している植物であれば何でもよく、例えば、ダイズ、ソラマメ、ナタネ、ヒマワリ、ワタ、シュガービートなどがある。例として、キュウリ由来ラフィノース合成酵素をコードするDNAを利用した、ダイズのラフィノース合成酵素をコードするDNAの取得について説明する。

【0057】ダイズのラフィノース合成酵素遺伝子は、ダイズ由来のpoly(A)+RNAからcDNAライブラリーを調製し、キュウリ由来ラフィノース合成酵素をコードするDNAの塩基配列に基づいて選択されたプロープを用いてcDNAライブラリーをスクリーニングすることによって取得することができる。

【0058】RNAの抽出部位としては、ラフィノース

合成酵素が発現していればダイズ植物体のどこでもよいが、望ましくは種子、特に、開花後の未熟種子でラフィノース族オリゴ糖が生成している時期のものがよい。

【0059】ダイズ未熟種子より全RNAを抽出するには、効率よく損傷の少ないRNAが得られるならば方法は特に制限されず、先のキュウリに関して述べた方法のいずれによっても可能である。

【0060】ハイブリダイゼーションのプロープは、ダイズ由来ラフィノース合成酵素遺伝子と相溶性が高い配列を有する必要がある。ハイブリダイゼーションに用いるプロープは、キュウリ由来ラフィノース合成酵素遺伝子とすることもできるが、そのなかのラフィノース合成酵素の保存された領域をプロープにすることが望ましい。しかし、キュウリ由来ラフィノース合成酵素遺伝子の情報からでは、そのような配列を特定することはできない。このような配列を有するハイブリダイゼーションのプロープを得るには以下のようないくつかの方法による必要がある。簡便には、キュウリのラフィノース合成酵素遺伝子を適当な制限酵素で切断して得た断片を、それぞれ、ダイズRNAに対しノーザンハイブリダイゼーションを行い、ハイブリダイズするDNA断片をプロープとしてもよい。また、キュウリ由来ラフィノース合成酵素のアミノ酸配列に基づいて合成されたプライマーを用いダイズRNAを鋳型としたRT-PCRによって得ることもできる。また、キュウリ由来ラフィノース合成酵素をコードするDNAと相溶性のあるシロイヌナズナEST配列に基づいて合成されたオリゴヌクレオチドをプライマーとして、シロイヌナズナRNAのRT-PCRによって取得することができる。

【0061】好ましくは、次のようにして、目的の遺伝子と相溶性の高いものを得る。まず、Gen Bank データベースよりキュウリ由来ラフィノース合成酵素遺伝子に対し相溶性を有するシロイヌナズナなどのEST配列をGenetic Mac等のソフトウェアを用いて検索する。得られた配列と、キュウリラフィノース合成酵素遺伝子との間で相溶性の高い領域は、様々な種に由来するラフィノース合成酵素間において保存されている配列を含むと考えられる。この領域のDNA断片を得るには、例えば、シロイヌナズナのRNAより調製した一本鎖DNAを鋳型とし、相溶性の高い領域の配列に基づいて合成したオリゴヌクレオチドをプライマーとしてPCRにて増幅して得ることができる。この増幅断片の塩基配列を解析し、キュウリと相溶性の高い配列を有するものを選ぶ。得られたDNA断片は、先に記載のように、ラベルし、プロープとして用いる。

【0062】cDNAライブラリーから目的クローンを得るためのスクリーニングには、キュウリ遺伝子のクローニングと同様にハイブリダイゼーションを行う。上述のようにして得られたダイズ由来ラフィノース合成酵素をコードするDNAの塩基配列、及びこの塩基配列から

推定されるアミノ酸配列を配列表配列番号23に示す。また、このアミノ酸配列のみを配列表配列番号24に示す。上記方法で取得したキュウリ由来ラフィノース合成酵素に対するダイズ由来ラフィノース合成酵素の相関性は、ギャップを考慮したマキシム・マッチングにより、アミノ酸配列では38%、塩基配列では50%であった。後記実施例4で得られたラフィノース合成酵素をコードするDNAを含むDNA断片を含むプラスミドpMOSS10xSRsを保持するエシェリヒア・コリJ.M109の形質転換体AJ13379は、平成9年10月20日から、通商産業省工業技術院生命工学工業技術研究所（郵便番号305 日本国茨城県つくば市東一丁目1番3号）にプラベスト条約に基づき国際寄託されており、受託番号FERM BP-6149が付与されている。

【0063】キュウリ由来ラフィノース合成酵素と、ダイズ由来ラフィノース合成酵素の情報を利用して、さらに他の植物からラフィノース合成酵素遺伝子を取得することができる。両タンパク質で保存されたアミノ酸配列、例えば、配列表配列番号28（配列表番号24のアミノ酸番号199〜208）、29（配列表番号24のアミノ酸番号302〜314）、30（配列表番号24のアミノ酸番号513〜527）などから推定される塩基配列を有する一本鎖DNA、及び、推定される塩基配列と相補的塩基配列を有する一本鎖DNAを合成し、これらをプライマーに用いてRT-PCRを行う。プライマーには上記配列のどの部分を用いてもよいが、コドンの縮重が少なく、複雑な高次構造を形成しないと思われる配列を選ぶのが望ましい。遺伝子を取得しようとする植物の全RNA、場合によっては、poly(A)<sup>+</sup>RNAよりcDNAを合成し、これを鋳型にしてPCRを行う。得られたDNA断片は適当なベクターにクローニングし塩基配列を解析し、この塩基配列がキュウリもしくはダイズ由来ラフィノース合成酵素遺伝子と相関性を有するか、または、翻訳したアミノ酸配列がキュウリ及びダイズ由来ラフィノース合成酵素のアミノ酸配列と相関性を有するかどうか確認すればよい。これにより得られたDNA断片はcDNAライブラリーのスクリーニングに用いることができる。また、遺伝子を取得しようとする植物の全RNA、場合によっては、poly(A)<sup>+</sup>RNAよりcDNAを合成した一本鎖cDNAを鋳型として、RACE

【0064】本発明のDNAは、コードされるラフィノース合成酵素の活性、すなわちスクロースとガラクトースからラフィノースを生成する活性が損なわれな限り、1若しくは複数の位置で1若しくは数個のアミノ酸の置換、欠失、挿入、付加、又は逆位を含むラフィノース合成酵素タンパク質をコードするものであってもよい。ここで、「数個」とは、アミノ酸残基のタンパク質の立体構造における位置や種類によっても異なる。それは、イソロイシンとバリンのように、アミノ酸によって

は、類縁性の高いアミノ酸が存在し、そのようなアミノ酸の違いが、タンパク質の立体構造に大きな影響を与えないことに由来する。従って、キュウリ由来ラフィノース合成酵素を構成する784アミノ酸残基全体に対し、35から40%以上の相関性を有し、ラフィノース合成酵素活性を有するものであってもよい。さらに、好ましくは、510番目のアミノ酸から610番目のアミノ酸の間において、65%以上の相関性を有することである。さらに好ましくは、「数個」が、2から40個、好ましくは、2から20個、さらに、2から10個である。また、ダイズ由来ラフィノース合成酵素を構成する750アミノ酸残基全体に対しても、同様に35から40%以上の相関性を有し、ラフィノース合成酵素活性を有するものであってもよい。さらに、好ましくは、478番目のアミノ酸から577番目のアミノ酸の間において、65%以上の相関性を有することである。ここでの相関性とは、ギャップを考慮したマキシム・マッチングを行ったときの値をいう。

【0065】遺伝子全長において、約50%以上の相関性があり、かつ、その中で約300塩基にわたる65%以上の相関性がある遺伝子を含む。そのような遺伝子は、Gen Bankなどのデータベースを用いて、キュウリ由来ラフィノース合成酵素遺伝子に対し相関性を有する遺伝子を検索することによって、塩基配列情報を得ることができる。ホモロジー解析プログラムはLipman-Pearson法を採用したGENETIX-MAC（遺伝子情報処理ソフトウェア、ソフトウェア開発社）などを用いてもよく、また、インターネット上に公開されているものを使用してもよい。このような方法により得られた塩基配列は遺伝子全長を含む場合と、遺伝子全長を含まない場合がある。遺伝子全長を含まない場合は、目的植物組織より抽出したRNAを鋳型に、キュウリ由来ラフィノース合成酵素遺伝子と相関性の高い部位に対応するプライマーを用い、5' RACE法、3' RACE法にて、容易に全長遺伝子を取得することができる。得られた全長遺伝子は、先に述べたような、Soluble Protein Expression System (INVITROGEN社)や、Tight Control Expression System (INVITROGEN社)や、QIAexpress System (QIAGEN社)などのキットが提供する適当な発現ベクターに組み込み、遺伝子を発現させ、記載の方法でラフィノース合成酵素活性を測定し、活性を有するクローンを選択すればよい。遺伝子の発現方法については、Plant Molecular Biology, A Laboratory Manual (Melody S. Clark (Ed.), Springer)などに詳しく記載されている。

【0066】このようなラフィノース合成酵素と実質的に同一のタンパク質をコードするDNAは、例えば部位特異的変異法によって、特定の部位のアミノ酸が置換、欠失、挿入、付加されるように塩基配列を変更することによって得られる。また、上記のような改変されたDNA

Aは、従来知られている突然変異処理によっても取得され得る。突然変異処理としては、ラフィノース合成酵素をコードするDNAをヒドロキシルアミン等でインビトロ処理する方法、及びラフィノース合成酵素をコードするDNAを保持するエシェリヒア属細菌を、紫外線照射またはN-メチル-N'-ニトロ-N-ニトロソグアニジン(NTG)もしくは亜硝酸等の通常人工突然変異に用いられている変異剤によって処理する方法が挙げられる。

【0067】また、上記のような塩基の置換、欠失、挿入、付加、又は逆位等には、キュウリまたはダイズの個体差、品種間差、遺伝子の多コピー化、各器官、組織の違いに基づく場合などの天然に生じる変異も含まれる。

【0068】上記のような変異を有するDNAを、適当な細胞で発現させ、発現産物のラフィノース合成酵素活性を調べることに、ラフィノース合成酵素と実質的に同一のタンパク質をコードするDNAが得られる。また、変異を有するラフィノース合成酵素をコードするDNAまたはこれを保持する細胞から、例えば配列表の配列番号4に記載の塩基配列のうち、塩基番号56〜2407からなる塩基配列、または、配列番号23に記載の塩基配列のうち、塩基番号156〜2405からなる塩基配列を有するDNAをストリンジェントな条件下でハイブリダイズし、かつ、ラフィノース合成酵素活性を有するタンパク質をコードするDNAを単離することに、ラフィノース合成酵素タンパク質と実質的に同一のタンパク質をコードするDNAが得られる。ここでいう「ストリンジェントな条件」とは、いわゆる特異的なハイブリッドが形成され、非特異的なハイブリッドが形成されない条件をいう。この条件を明確に数値化することは困難であるが、一例を示せば、相溶性が高いDNA同士、例えば50%以上の相溶性を有するDNA同士がハイブリダイズし、それより相溶性が低いDNA同士がハイブリダイズしない条件、あるいは通常のザンハインハイブリゼーションの流いの条件である60°C、1×SSC、0.1% SDS、好ましくは、0.1×SSC、0.1% SDSに相当する塩濃度でハイブリダイズする条件が挙げられる。このような条件でハイブリダイズする遺伝子の中には途中でストップコドンが発生したものや、活性中心の変異により活性を失ったものも含まれるが、それらについては、市販の活性発現ベクターに基づきラフィノース合成酵素活性を記述の方法で測定することによって容易に取り除くことができる。

【0069】尚、本発明のDNAを、ラフィノース合成酵素のアンチセンスRNAを発現させるために用いる場合には、このDNAは活性のあるラフィノース合成酵素をコードしている必要はない。また、センスRNAによっても、相溶性のある内在性遺伝子の機能を抑制することができる。このような場合も、DNAが活性あるラフィノース合成酵素遺伝子をコードしている必要はなく、また、全長を含まなくてもよく、好ましくは、60%以

上の相溶性を有する領域が500塩基程度あればよい。このようなDNAの例としては、下記(e)又は(f)のDNAが挙げられる。

(e) 配列表の配列番号4に記載の塩基配列のうち、少なくとも塩基番号56〜2407からなる塩基配列若しくはその相補的塩基配列とストリンジェントな条件下でハイブリダイズするDNA。

(f) 配列表の配列番号23に記載の塩基配列のうち、少なくとも塩基番号156〜2405からなる塩基配列若しくはその相補的塩基配列とストリンジェントな条件下でハイブリダイズするDNA。

【0070】本発明者らが、目的とする、キュウリ由来またはダイズ由来のラフィノース合成酵素のcDNAのクローニングに成功した方法は上述の通りであるが、それ以外に下記の方法が挙げられる。

(1) キュウリ由来またはダイズ由来のラフィノース合成酵素を単離精製し、決定されるアミノ酸配列、または配列番号5または配列番号24に示すアミノ酸配列を基に全塩基配列を化学合成する。

(2) キュウリまたはダイズの植物体から染色体DNAを調製し、プラスミドベクター等を用いて染色体DNAライブラリーを作製し、このライブラリーからラフィノース合成酵素遺伝子を、ハイブリダイゼーション又はPCRによって取得する。尚、染色体由来のラフィノース合成酵素遺伝子は、コード領域にイントロンが含まれることが予想されるが、このようなイントロンによって分断されたDNAであっても、ラフィノース合成酵素をコードする限り本発明のDNAに含まれる。

(3) poly(A)<sup>+</sup>RNAを分子量等によって分画し、ホイトジャーム又はウサギ網状赤血球を用いたインビトロ翻訳系に供し、ラフィノース合成酵素活性を有するポリペプチドをコードするmRNAが存在する画分を決定し、それより目的のcDNA断片を作製、取得する。

(4) 抗キュウリラフィノース合成酵素抗体または抗ダイズラフィノース合成酵素抗体を作製し、タンパク質発現ベクターにcDNAライブラリーを挿入、適当な宿主に感染させてcDNAがコードするタンパク質を発現させ、先程の抗体を用いて目的のcDNAをスクリーニングしても良い。

(5) ペプチド断片のアミノ酸配列から適当なプライマーを合成し、RACE法によって、末端を含む配列を増幅し、これをクローニングしても良い。

【0071】ラフィノース合成酵素遺伝子が発現させるには、酵素をコードする領域のDNAを種々の発現ベクターに組み込み遺伝子が発現させればよく、詳しくは、Plant Molecular Biology A Laboratory Manual (M. S. Clark (eds.), Springer)などに記載されている。ベクターとしては、市販の発現ベクターを使用

してもよい。発現の確認は、本明細書に記載の方法によって活性を測定することによって行うことができる。

【0072】例として、ダイズ由来ラフィノース合成酵素遺伝子によるラフィノース合成酵素の活性発現方法について説明する。pMOSS10xSR.Sのラフィノース合成酵素遺伝子の156番目の塩基のATGを含む上流直ぐにNdeIの制限酵素サイトを、また2405番目の塩基の下流にBamHIサイトを、それぞれの制限酵素サイトを含むようにデザインしたプライマーを用いたPCRによって付加する。次に、フェネルクロロホルムにて精製した先のラフィノース合成酵素遺伝子とpET3aをNdeI、BamHIにて消化する。消化したそれぞれのDNAは、アガロースゲル電気泳動によって精製する。ダイズ由来ラフィノース合成酵素遺伝子の内部にはBamHIサイトが存在するので、あらかじめ、PCRなどによって変質を入れておくか、アガロース電気泳動によって目的サイズの断片を選ぶ。精製したラフィノース合成酵素断片と、ベクターはライゲーションし、ゲルで確認する。さらにラフィノース合成酵素遺伝子がATGコドンから開始することを塩基配列解析により確認する。このベクターをE. coli BL21 (DE3) pLysEに形質転換しクロラムフェニコールとアンピシリンを含むLB培地で選抜をする。形質転換体はPCRなどによってその挿入断片を確認し、目的の形質転換体をLB培地で培養し菌体を得る。菌体はSDSを含むゲルローディング緩衝液にて100℃、3分間インキュベートし、SDSポリアクリルアミドゲルにて電気泳動し、目的のサイズのタンパク質のバンドを確認する。この選抜された菌を培養し、菌体をソニックなどにより破し、タンパク質を抽出する。このタンパク質抽出液のラフィノース合成酵素活性を本明細書に記載の方法で測定すればよい。

【0073】<3>本発明のラフィノースの製造法  
本発明のラフィノースの製造法においては、スクロース及びガラクトースに上記ラフィノース合成酵素を作用させてラフィノースを生成させる。ラフィノース合成酵素は、スクロースとガラクトースに作用させると、ガラクトースを構成するガラクトース残基がスクロースに転移し、ラフィノースが生成する。その際、ガラクトースを構成するミオイノシトルが生成する。

【0074】ラフィノースの製造に使用するラフィノース合成酵素は、植物体から抽出した酵素であっても、本発明のDNAを用いた遺伝子組換え法によって製造した酵素であってもよい。

【0075】スクロース及びガラクトースにラフィノース合成酵素を作用させるには、ラフィノース合成酵素又はラフィノース合成酵素生産能を有する細胞をアルギン酸ゲルやポリアクリルアミドゲル等の担体に固定化した固定化酵素又は固定化細胞をカラムに充填し、このカラムにスクロース及びガラクトースを含む溶液を通過

してもよい。担体及びラフィノース合成酵素又は細胞を担体に固定化する方法は、通常のバイオリアクターに用いられる材料及び方法を採用することができる。

【0076】ラフィノース合成反応は、例えば、スクロース及びガラクトースを含む水溶液又は緩衝液等の溶液に、ラフィノース合成酵素を添加することによって行われる。前記溶液のpHは、約6〜8の範囲内、特にpH7前後に調整されることが好ましい。また、反応温度は約28〜42℃、好ましくは35〜40℃の範囲内、特に38℃前後であることが好ましい。尚、本発明のラフィノース合成酵素は、約pH5〜8の範囲、特にpH6付近で安定である。また、本酵素は少なくとも約40℃以下の温度範囲で安定である。

【0077】本発明のラフィノース合成酵素は、ヨードアセトアミド、N-エチルマレイミド、MnCl<sub>2</sub>、ZnCl<sub>2</sub>、NiCl<sub>2</sub>によって酵素活性が阻害されるので、これらの物質が反応液に含まれないことが望ましい。

【0078】反応液に加えるガラクトースノール及びスクロースの濃度は、ガラクトースノール 5mM以上、スクロース 1、5mM以上が好適である。また、反応液に加えるラフィノース合成酵素の添加量は、基質量に応じて添加すればよい。

【0079】反応液に含まれる未反応のスクロース、ガラクトースノール及び酵素反応により生じるミオイノシトルからラフィノースを分離する方法としては、例えばゲル透過クロマトグラフィーが挙げられる。

【0080】<4>本発明のキメラ遺伝子及び形質転換植物

本発明のキメラ遺伝子は、ラフィノース合成酵素遺伝子又はその一部と、植物細胞で発現可能な転写制御領域とを含む。ラフィノース合成酵素遺伝子としては、前記<2>に記載した本発明のラフィノース合成酵素をコードするDNAが挙げられる。さらに、本発明のキメラ遺伝子をアンチセンス遺伝子として利用する場合には、ラフィノース合成酵素をコードするDNAの他に、ラフィノース合成酵素遺伝子の非翻訳領域又はその一部であっても、使用できる場合がある。非翻訳領域としては、例えば配列表配列番号4において塩基番号1〜55(5'非翻訳領域)、あるいは2407〜2517に示す配列(3'非翻訳領域)、また、配列表配列番号23においては塩基番号1〜155、あるいは2406〜2765が挙げられる。

【0081】本発明のキメラ遺伝子において、転写制御領域が、ラフィノース合成酵素をコードするDNAに、このDNAコード鎖に相同なmRNA(センスRNA)を発現するように連結されている場合は、このキメラ遺伝子が導入された植物細胞はラフィノース合成酵素を発現し、ラフィノース族オリゴ糖含量が増加する。一方、前記転写制御領域が、前記DNAのコード鎖に相補的な

配列を有するRNA (アンチセンスRNA) を発現するように前記DNAに連結されている場合、および、ラフィノース合成酵素遺伝子の一部の断片、好ましくは、上流コード領域の約200塩基対以上に対するセンスRNAを発現するように連結されている場合、これらのキメラ遺伝子が導入された植物細胞は、内在性ラフィノース合成酵素の発現が抑制され、ラフィノース族オリゴ糖が低減化する。

【0082】上記のように、本発明のキメラ遺伝子で植物を形質転換し、この遺伝子を植物細胞内で発現させることにより、前記植物のラフィノース族オリゴ糖含量を変化させることができる。

【0083】本発明を適用する植物としては、油糧植物であるダイズ、タナケ、ワタ、砂糖を生産するテンサイ、サトウキビ、モデル植物としてシロイヌナズナ等が挙げられる。

【0084】また、植物細胞で発現可能な転写制御領域としては、前述したような、植物全体で発現するCaMV 35SRNAプロモーター、CaMV 19SRNAプロモーター、ノバリン合成酵素プロモーター等、緑色組織で発現するRubisco小サブユニットプロモーター等、種子などの部位特異的に発現するナビン (nabin)、ファセオリン (phaseolin) 等の遺伝子のプロモーター領域等が挙げられる。また、キメラ遺伝子の3'末端には、ノバリン合成酵素ターミネーター、Rubisco小サブユニット3'側部位等のターミネーターが連結されてもよい。

【0085】キメラ遺伝子で植物を形質転換には通常用いられている方法、アグロバクテリウム法、パーティクルガン法、エレクトロポレーション法、PEG法等を、

供試する宿主細胞に応じて用いられよい。

【0086】植物にキメラ遺伝子を導入する形質転換法としては、アグロバクテリウム法、パーティクルガン法、エレクトロポレーション法、PEG法等が挙げられる。アグロバクテリウム法として具体的には、バイナリベクターを用いる方法がある。すなわち、Tiプラスミド由来のT-DNA、大腸菌などの微生物で機能可能な複製起点、及びベクターを保持する植物細胞または微生物細胞を選択するためのマーカー遺伝子を含むベクターを植物に感染させ、この植物から採取した種子を生産させ、マーカー遺伝子の発現を指標としてベクターが導入された植物を選択する。得られた植物について、ラフィノース合成酵素活性を測定するか、あるいはラフィノース族オリゴ糖の含量が変化したものを選択することによって、目的とする形質転換植物を取得することができる。

【0087】以下に、ダイズにキメラ遺伝子を導入する方法について説明する。ダイズ形質転換には、パーティクルガン法 (Pro. Natl. Acad. Sci. USA, 86, 145 (1989)、TIBTECH, 8, 145 (1990)、BioTechnology, 6, 92

3 (1988)、Plant Physiol., 87, 671 (1988)、Develop. Genetics, 11, 289 (1990)、Plant cell Tissue Organ Culture, 33, 227 (1993))、アグロバクテリウム法 (Plant Physiol., 91, 1212 (1989)、W094/02620、Plant Mol. Biol., 9, 135 (1987)、BioTechnology, 6, 915 (1988))、エレクトロポレーション法 (Plant Physiol., 99, 81 (1992)、Plant Physiology, 84, 856 (1989)、Plant Cell Reports, 10, 97 (1991)) のいずれの方法も用いることができる。

【0088】パーティクルガン法においては、エンブリオジェニック (embryogenic) 組織、あるいは、開やく後30日から40日の未熟種子の胚軸を用いられよい。約1gのエンブリオジェニック組織をベトリ皿に広げ、目的のキメラ遺伝子をコーティングした金粒子、タングステン粒子などを打ち込めばよい。組織は、1時間から2時間後液体培地に移し、培養する。2週間後、形質転換体選択のための抗生物質入り培地に移し、培養する。6週間後に、緑色の耐性不定胚が得られるので、これをさらに新しい培地に移して培養し、植物体を再生させる。あるいは、胚軸を用いた場合には、胚軸を無菌的に摘出し、パーティクルガンで処理した後、高濃度のサイトカニンを含むMS培地 (Murashige and Skoog, Physiologia Plantarum, 15, 473-497 (1962)) にて培養する。暗黒下で、2週間培養した後、サイトカイニンの含量を低下させたMS培地にて12時間から16時間、光照射下で室温で培養する。このとき、選択マーカーとして用いた抗生物質を培地に添加しておくことが望ましい。移植組織より多芽体が形成したら、ホルモン無添加の培地に移すことで、発根させる。この幼植物体を温室に移し、栽培する。

【0089】アグロバクテリウムを用いる方法では、植物組織としてコチルドンリーノッド (Cotyledonary node) を用いることが望ましい。アグロバクテリウムは、市販のLB A44.04、C58、Z707を用いることができるが、望ましくは、Z707がよい。ベクターは、pMON530 (Monsanto Co.) に目的遺伝子を挿入したプラスミドなどを用いることができる。ダイレクト・フリーズ・ソー (Direct freeze thaw) 方法 (An et al., Plant Mol. Biol. Manual A3-19, 1988) などによって、アグロバクテリウム ツメファシエン (Agrobacterium tumefaciens) Z707 (Heppner et al., J. Gen. Microbiol., 131, 2361 (1985)) にプラスミドを導入する。このキメラ遺伝子で形質転換したアグロバクテリウムは、一晚培養し、5000rpm、5分間遠心し、B5懸濁培地に懸濁する。ダイズ種子は滅菌し1/10濃度のB5培地にて3日間培養し、発芽させる。子葉を切り出し、アグロバクテリウムの懸濁液で、2時間供培養する。この子葉をB5培地 (ガンボルグ (Gamborg) B5塩 (Exp. Cell. Res., 50, 151 (1968))、ガンボルグB5ビタミン、3%スクロース、5μMベンジ

25

ルアミノプリン、 $10\mu\text{M}$  IBA、 $100\mu\text{M}$  アセトシリンゴン含有)に移し、 $25^\circ\text{C}$ 、 $2.3$ 時間光照射( $60\mu\text{Ein}^{-2}\text{S}^{-1}$ )の条件下で3日間培養する。次に、アグロバクテリウムを除去するためにB5培地( $5\mu\text{M}$  ベンジルアミノプリン、 $100\text{mg/L}$ カルベニリン、 $100\text{mg/L}$  パンコマイシン、 $500\text{mg/L}$  セファタキシム(cefotaxime))にて4日間 $25^\circ\text{C}$ で毎日培地を交換しながら培養する。その後、B5培地( $200\text{mg/L}$ カナマイシン)にて培養する。1から2カ月でマルチシュートが形成される。これを、B5培地( $0.58\text{mg/L}$ ジベレリン、 $50\text{mg/L}$ カナマイシン)で培養し、シュートを伸長させる。次に、B5培地( $10\mu\text{M}$  IBA)に移し、発根させる。発根した幼植物体は、馴化し、温室にて栽培することによって形質転換体を得ることができる。

【0090】ラフィノース合成酵素遺伝子を導入した形質転換植物の確認は、形質転換体より、DNAを抽出し、ラフィノース合成酵素遺伝子をプローブを用いてサザンハイブリダイゼーションを行えば容易に確認できる。

【0091】

【実施例】以下に、本発明を実施例によりさらに具体的に説明する。はじめに、以下の実施例において、各精製工程における活性画分の確認及び酵素の特性検討に用いたラフィノース合成酵素活性の測定法を説明する。

【0092】<ラフィノース合成酵素活性測定法>ラフィノース合成酵素の活性は、ラフィノース合成反応により生成したラフィノースをHPLC(高速液体クロマトグラフィー)により定量することによって行った。HPLCは、糖分析システムD $\times$ 500 (CarboPac PA1カラム、パルスドアンペロメトリ検出器(ダイオネクス社製))を用いて行った。

【0093】ラフィノース合成反応は、最終濃度以下記の組成になるように調製した緩衝液 $10\sim 50\mu\text{l}$ のラフィノース合成酵素液を添加して $100\mu\text{l}$ とし、 $32^\circ\text{C}$ で60分間、反応を行った。

【反応液組成(最終濃度)】

2.5 mM スクロース

5 mM ガラクチノール

5 mM DTT

20 mM トリス塩酸緩衝液(pH7.0)

【0094】上記のようにして反応を行った後、反応液の4倍容のエタノールを加え、 $95^\circ\text{C}$ で30秒間加熱して反応を停止した。これを遠心し、遠心上清を減圧乾固した後、蒸留水に溶解し、糖分析システムにて反応生成物中のラフィノースを定量し、ラフィノース酵素活性とした。

【0095】

【実施例1】 キュウリからのラフィノース合成酵素の精製

26

<1>キュウリからのラフィノース合成酵素の抽出  
播種後6~10週間のキュウリ(品種「SUYOU」)本葉より、葉脈系を集め、液体窒素にて凍結し、 $-80^\circ\text{C}$ にて保存した。凍結した葉脈系約200gを液体窒素下で乳鉢にて磨砕し、緩衝液1(40mM トリス塩酸緩衝液(pH7.0)、5mM DTT、1mM PMSF(フェニルメタンスルホニルフルオリド)、1%ポリクラールAT;セルパ社製)を加え、タンパク質を抽出した。抽出液は、ガーゼミラクロス(カルバイオケムーノバイオケム(Calbiochem-Novobiochem)社)などのフィルターにてろ過し、濾液を $4^\circ\text{C}$ 、約30,000 $\times$ gで60分間遠心した。得られた遠心上清を粗抽出液とした。

【0096】<2>陰イオン交換クロマトグラフィー(1)

上記で得られた粗抽出液約560mlを、緩衝液2(20mM トリス塩酸緩衝液(pH7.0)、5mM DTT)にて平衡化した強塩基性陰イオン交換クロマトグラフィーカラム(HiTrap Q;ファルマシア社製、

20 1.6cm $\times$ 2.5cm)を5本連結したカラムに供し、ラフィノース合成酵素活性をカラムに吸着させた。続いてカラムの5倍容の緩衝液3(20mM トリス塩酸緩衝液(pH7.0)、0.2M NaCl、5mM DTT)にてカラムを洗浄して非吸着タンパク質を洗い流した後、50mlの緩衝液4(20mM トリス塩酸緩衝液(pH7.0)、0.3M NaCl、5mM DTT)にてラフィノース合成酵素活性をカラムから溶出させた。

【0097】<3>陰イオン交換クロマトグラフィー(2)

上記の溶出液約75mlを透析チューブ(Pormembranes MWCO:10,000;スペクトラ(Spectra)社製)に入れ、10Lの緩衝液5(20mM トリス塩酸緩衝液(pH7.0)、0.05M NaCl、5mM DTT)に対して、 $4^\circ\text{C}$ で一晩透析した。透析した試料を緩衝液5で平衡化した弱塩基性陰イオン交換クロマトグラフィーカラム(DEAE-TOYOPEARL;東ソー社製、2.2 $\times$ 20cm)に供し、ラフィノース合成酵素活性をカラムに吸着させた。続いてカラムの5倍容の緩衝液5にてカラムを洗浄して非吸着タンパク質を洗い流した後、20カラム容に対し0.05M $\sim$ 0.35MのNaCl濃度勾配を直線的にかけて酵素活性を溶出し分画した。

【0098】<4>ゲルろ過クロマトグラフィー  
上記で得られた溶出液約160mlを、濃縮器(セントリプレップ10;Amicon社製)を用いて6.5mlに濃縮した。この濃縮液3mlずつをゲルろ過クロマトグラフィーカラム(Superdex 200P;ファルマシア社製、2.6cm $\times$ 60cm)に供した。  
50 カラムの平衡化と溶出は、緩衝液6(20mM トリス

塩酸緩衝液(pH7.0)、0.1M NaCl、5mM DTT、0.02% Tween 20)を用いて行った。分画した各画分のうち、ラフィノース合成酵素活性を有する画分を集めた。

【0099】<5>ハイドロキシアパタイトクロマトグラフィー

ゲル初過で分画したラフィノース合成酵素活性画分約25mlを、セントリアルアップ10にて濃縮し、さらに、緩衝液7(0.01M リン酸ナトリウム緩衝液(pH7.0)、5mM DTT、0.02% Tween 20)を用いて緩衝液交換を行った。得られた濃縮液約1.2mlを、あらかじめ同緩衝液にて平衡化したハイドロキシアパタイトカラム(Bio-Scale CH T-1; バイオラッド社製、0.7×5.2)に供し、ラフィノース合成酵素活性を吸着させた。カラムを、カラム体積の5倍量(10ml)の同緩衝液にて洗浄した後、2.0カラム容に対し、0.01M~0.3Mのリン酸濃度勾配を直線的にかけて酵素活性を溶出し分画した。

\*【0100】<6>ハイドロキシアパタイトクロマトグラフィー

上記のようにして得られたハイドロキシアパタイトクロマトグラフィーによる活性画分を同様にしてリクロマトし、精製ラフィノース合成酵素画分(約2ml)とした。

【0101】本活性画分のタンパク質量は約200μgであった。また、全活性は5700nmol/時間であり、タンパク質当たりの比活性は約28μmol/時間/mgであった。この活性画分は、後述するように電気泳動上で分子量約90kDa~100kDaの単一バンドを示すタンパク質のみを含んでいた。得られた精製酵素標品の比活性は、粗抽出液の約2000倍であり、HiTrapQによる強塩基性陰イオン交換クロマトグラフィー後の酵素量に対する回収率は12%であった。精製の結果を表1にまとめた。

【0102】

【表1】

表1

	全タンパク質 mg	全活性 nmol/h	比活性 nmol/h/mg	収率 %
粗抽出液	1915	20700	11	—
HiTrapQ	1092	48800	45	100
DEAE-TOYOPEARL	540	33000	61	68
Superdex 200pg	1.79	26500	14800	54
ハイドロキシアパタイトカラム(1)	0.51	12600	24700	26
ハイドロキシアパタイトカラム(2)	0.20	5700	28500	12

【0103】

【実施例2】 ラフィノース合成酵素の特性の検討

実施例1で得られた精製ラフィノース合成酵素の特性を検討した。

【0104】<1>分子量測定

(1) ゲルろ過クロマトグラフィー

精製ラフィノース合成酵素を10μlとり、この試料および分子量マーカー(ゲルろ過用分子量マーカーキット: フアルマシア社製)をゲルろ過クロマトグラフィーカラム(Superdex 200pg; フアルマシア社製)に供した。カラムの平衡化と溶出は、緩衝液6(20mM トリス塩酸緩衝液(pH7.0)、0.1M NaCl、5mM DTT、0.02% Tween 20)を用いて行った。その結果、ラフィノース合成酵素の分子量は、約75kDa~95kDaと推定された。

【0105】(2) ポリアクリルアミドゲル電気泳動(Native PAGE)

精製ラフィノース合成酵素を10μlとり、同量のサンプル緩衝液(0.0625M トリス-塩酸(pH6. 50

※8)、15%グリセロール、0.001%BPB)を加え、電気泳動サンプルとした。このサンプル10μlを10%ポリアクリルアミドゲル(第一化学薬品製、マルチゲル10)に供し、0.025M トリス-0.192M グリシン緩衝液(pH8.4)で40mA、約60分泳動した。泳動後、シルベスタイン銀染色キット(ナカライテスク社製)にて染色した。その結果、分子量は約90kDa~100kDaと推定された。

40 【0106】(3) SDS-ポリアクリルアミドゲル電気泳動(SDS-PAGE)

精製ラフィノース合成酵素を10μlとり、同量のサンプル緩衝液(0.0625M トリス-塩酸(pH6. 8)、2% SDS、10%グリセロール、5%メルカプトエタノール、0.001%BPB)を加え沸騰浴中で1分間加熱し、電気泳動サンプルとした。このサンプル10μlを10~20%グラジエントポリアクリルアミドゲル(第一化学薬品製)に供し、0.1%SDSを含む0.025M トリス-0.192M グリシン緩衝液(pH8.4)で40mA、約70分泳動した。泳動



29

30

表2

後、シルベストステイン銀染色キット（ナカライテスク社製）にて染色した。結果を図2に示す。その結果、分子量は約90kDa～100kDaと推定された。

【0107】<2>反応至適温度  
前記のラフィノース合成酵素活性測定法にしたがって、種々の温度条件下（28℃、32℃、36℃、40℃、44℃、48℃、52℃）でラフィノース合成酵素活性を測定した。各反応液に加えた酵素液は、2μlとした。32℃での酵素活性を100としたときの各温度での相対活性を図3に示す。その結果、ラフィノース合成酵素は、約25～42℃にわたる範囲で活性を示し、反応至適温度は、35～40℃付近であった。

【0108】<3>至適反応pH

前記のラフィノース合成酵素活性測定法にしたがって、種々のpH条件下（pH4～11）でラフィノース合成酵素活性を測定した。各反応には、50mMクエン酸緩衝液（pH4～6）、50mM リン酸カリウム緩衝液（pH5、5～7.5）、50mM ビスートリス緩衝液（pH6～7）、20mM トリス-塩酸緩衝液（pH7～8.5）、50mM グリシン-NaOH緩衝液（pH9～11）を用いた。また、各反応液に加えた酵素液は、2μlとした。結果を図4に示す。

【0109】その結果、ラフィノース合成酵素はpH5～10の範囲で活性を示し、反応至適pHは、用いた緩衝液の種類によっても異なるが、6～8付近であった。

【0110】<4>阻害剤及び金属イオンの検討  
精製ラフィノース合成酵素の反応液に、各種の酵素阻害剤又は金属イオンを最終濃度で1mMとなるように添加し、ラフィノース合成酵素活性を前記と同様にして測定した。阻害剤又は金属イオンを添加しない場合の酵素活性に対する残存活性を表2に示す。ヨードアセトアミドは酵素活性を顕著に阻害し、N-エチルmaleイミドも阻害効果を示した。また、CaCl<sub>2</sub>、CuCl<sub>2</sub>、MgCl<sub>2</sub>は阻害効果がほとんど認められなかったが、MnCl<sub>2</sub>、ZnCl<sub>2</sub>、NiCl<sub>2</sub>は阻害効果を示した。

【0111】

【表2】

阻害剤又は金属イオン 残存活性 (%)

無添加	100
ヨードアセトアミド	0
N-エチルmaleイミド	40
CaCl <sub>2</sub>	115
CuCl <sub>2</sub>	101
MgCl <sub>2</sub>	96
MnCl <sub>2</sub>	32
ZnCl <sub>2</sub>	42
NiCl <sub>2</sub>	68

【0112】<5>ミオノシトルによる阻害  
ラフィノース合成反応の反応生成物であるミオノシトルによる阻害を調べた。各種濃度のミオノシトルを反応液に添加し、ラフィノース合成酵素活性を測定した。結果を図5に示す。添加したミオノシトルの濃度とともに酵素活性は阻害された。

【0113】<6>安定pH  
50mM ビスートリス塩酸緩衝液（pH5～8、0.5mM DTTを含む）、又は20mM トリス-塩酸緩衝液（pH7～8、0.5mM DTTを含む）中で、前記陰イオン交換クロマトグラフィー（2）で得られたラフィノース合成酵素画分を4時間、4℃にてインキュベートした後、ラフィノース合成酵素活性を測定した。インキュベートに用いた緩衝液のpHに対する酵素活性を図6に示す。いずれのインキュベート条件においてもラフィノース合成活性が認められ、特にpH5～7.5の範囲で安定であった。

【0114】<7>安定温度  
20mM トリス-塩酸緩衝液（pH7、5mM DTTを含む）で、前記陰イオン交換クロマトグラフィー（2）で得られたラフィノース合成酵素画分を28℃、32℃、37℃又は40℃で60分インキュベートした後、ラフィノース合成酵素活性を測定した。その結果、本酵素は、28℃～40℃の範囲で前記インキュベート処理を行わなかった対照区と比較して80%～100%の活性を有し、安定であった。

【0115】<8>アミノ酸配列の解析  
精製ラフィノース合成酵素のシステム-7 残基を還元ビリジールエチル化し、脱塩した。これをリジールエンドペプチダーゼ（Achromobacter protease 1、和光純薬工業社製）にて37℃、12時間消化し、ペプチド断片化した。得られたペプチド混合液を逆相HPLC（カラム：ウォーターズ μBondasphere（φ2.1×150mm、G<sub>8</sub>、300）、ウォーターズ社製（ミリポア社））に供し、各ペプチド断片を分離取得した。溶媒には0.1%TFA（トリフルオロ酢酸）を用い、アセトニトリルの濃度勾配に

31

より溶出を行った。取得したベプタド断片のうち、3つの断片について、アミノ酸配列をプロテインシーケンサーにより決定した。決定された各ベプタドのアミノ酸配列を配列表配列番号1〜3に示す。以下、これらのベプタドを、それぞれ順にベプタド1、2、及び3という。

【0116】

【実施例3】 キュウリ由来ラフィノース合成酵素をコードするDNAの取得

<1>PCR法によるラフィノース合成酵素cDNAの部分断片の単離

キュウリの主葉脈22gを液体窒素中で乳鉢を用いて磨砕した。この磨砕物を、80℃に余熱した抽出バッファー(100mM塩化リチウム、100mMトリス-塩酸(pH8.0)、10mM EDTA、1%SDS)と等量のフェノールを混合したものに加え、攪拌後、フェノールと等量のクロロホルム:イソアミルアルコール(2:1)を加え、再び攪拌を行い、この混合液を4℃で9250×g、15分間遠心処理し、上清を採取した。この上清に対して繰り返しフェノール処理、クロロホルム:イソアミルアルコール処理を行い、遠心上清を得た。この上清に等量の4M塩化リチウムを加え、-70℃で1時間設置した。

【0117】室温にて解凍後、4℃で9250×g、30分間遠心処理し沈殿を得た。この沈殿を2M塩化リチウム、80%エタノールにより1回ずつ洗浄し、乾燥後2mlのジエチルピロカーボネート処理水に溶解し、精製全RNAとした。得られた全RNAは2.38mgであった。

【0118】この全RNA全量を、オリゴ(dT)セルロースカラムを用いたpoly(A)'RNA精製キット(STRATAGENE CLONING SYSTEMS社製)に供し、poly(A)'RNA分子を精製し、42.5μgのpoly(A)'RNAを得た。

【0119】上記のようにして得られたpoly(A)'RNAから逆転写酵素Super Script II(GIBCO BRL社製)を用いて一本鎖cDNAを合成した。このcDNA混合物からラフィノース合成酵素cDNAを単離するために、PCR法による増幅を行った。PCRに用いるプライマーは、実施例2で決定したキュウリ由来のラフィノース合成酵素のベプタド断片のアミノ酸配列から、図1に示す一本鎖オリゴヌクレオチド(配列番号6〜22)を合成した。各プライマーの配列において、RはA又はGを、YはC又はTを、MはA又はCを、KはG又はTを、DはG、A又はTを、HはA、T又はCを、BはG、T又はCを、NはG、A、T若しくはC、又はイノシン(塩基はヒポキサンチン)を、それぞれ表す。

【0120】プライマーとして、5'側プライマーにA(A1(配列番号6)、A2(配列番号7)、A3(配

32

列番号8)、A4(配列番号9))、3'側プライマーにD'(D'1(配列番号21)、D'2(配列番号22))の組み合わせと、5'側プライマーにC2(配列番号14))、及び3'プライマーにB'1(配列番号18)、あるいはB'2(配列番号19)を用いたときに、約540塩基対のDNAが増幅された。この断片をTAクローニングキット(INVITROGEN社製)を用いてプラスミドpPCR IIにクローニングし、塩基配列を解析したところ、両末端のプライマー配列の内側にベプタド1、2のアミノ酸配列をコードしている塩基配列が存在し、前記増幅断片はラフィノース合成酵素遺伝子に由来するDNA断片であることがわかった。

【0121】さらに、クローニングした上記PCR増幅DNA断片のラフィノース合成酵素遺伝子上での位置を特定するために、RACE Kit(3' Ampifinder RACE Kit(CLONTECH社製))を用いて、3' RACEを行った。

【0122】前記cDNA混合物を鋳型に、5'側プライマーにC(C1(配列番号13)、C2(配列番号14))、3'側プライマーにはオリゴ(dT)とアンカー配列を有するプライマーを用いてPCRを行い、さらにこうして得られた増幅断片を鋳型に、Cより内側に位置するD(D1(配列番号15)、D2(配列番号16))を5'側プライマーに、3'側プライマーにはオリゴ(dT)−アンカープライマーを用いてPCRを行った。その結果、C1(配列番号13)、C2(配列番号14)とオリゴ(dT)−アンカープライマーで増幅したDNAを鋳型に、D2(配列番号16)とオリゴ(dT)−アンカープライマーでPCRを行ったときの、約2400塩基対のDNA断片が増幅した。また、5'側プライマーにC(C1(配列番号13)、C2(配列番号14))、3'側プライマーにはオリゴ(dT)−アンカープライマーを用いてPCRを行い、さらにこうして得られた増幅断片を鋳型に、5'側プライマーにE(配列番号17)、3'側プライマーにはオリゴ(dT)−アンカープライマーを用いてPCRを行った。その結果、いずれの場合も、約3000塩基対のDNA断片を増幅した。

【0123】同様に、前記cDNA混合物を鋳型に、5'側プライマーにA(A1(配列番号6)、A2(配列番号7)、A3(配列番号8)あるいはA4(配列番号9))、3'側プライマーにはオリゴ(dT)とアンカー配列を有するプライマーを用いてPCRを行い、さらにこうして得られた増幅断片を鋳型に、Aより内側に位置するB(B1(配列番号10)、B2(配列番号11)あるいはB3(配列番号12))、3'側に同じオリゴ(dT)−アンカープライマーを用いてPCRを行った。その結果、Aのいずれのプライマーを用いたときも、B2プライマーを用いたときに約2000塩基対のDNA断片を得た。そこで、A2、B2プライマーを用いて増幅

したDNA断片をクローニングした。塩基配列を解析したところ、5'側にプライマー作成に用いたペプチド断片1のアミノ酸配列をコードする塩基配列が存在した。また、3'側にはpoly(A)配列と、その上流にペプチド断片3に対応する塩基配列が存在した。

【0124】先のPCRの結果と合わせると、ラフィノース合成酵素ペプチド断片は、そのN末端側から2、1、3の順に並んでおり、先にPCRによって得られた約540塩基対のDNA断片は、ラフィノース合成酵素遺伝子上の5'末端に近い部分であることがわかった。ラフィノース合成遺伝子全長を含むcDNAクローンをスクリーニングするためには、プローブとするDNAが5'末端側に近い部分を抽出できることが望ましいため、このDNA断片をプローブとしてcDNAライブラリーのスクリーニングに使用した。

【0125】<2>ラフィノース合成酵素cDNAのコード領域全長のクローニング

まず、以下のようにしてcDNAライブラリーを調製した。<1>で得られたpoly(A)<sup>+</sup>RNA 3.8  $\mu$ gからTime Saver cDNA合成キット(Pharmacia Biotech社製)を用いて、2本鎖cDNAを合成した。得られたcDNAを、λファージベクターAMOSSlox(Amersham社製)のEcoRI制限酵素切断部位に組み込んだ後、GigapackII Goldパッケージングキット(STRATAGENE CLONING SYSTEMS社製)を用いて、ファージタンパク質中に取り込ませ、キュウリのcDNAライブラリーを調製した。なお、本ライブラリーのタイターは、 $1.46 \times 10^7$  pfu/ $\mu$ gベクターであった。

【0126】上記のキュウリのcDNAライブラリーから、 $1.4 \times 10^6$  pfuに相当するファージを宿主細胞エシエリヒア・コリ ER1647に感染させた後、直径90mmの寒天プレート14枚に、プレートあたり $1.0 \times 10^4$  pfuとなるように均した。これを37°Cで約6、5時間培養した後、プレート上に形成されたファージアブラクをナイロメンブレン(Amersham社製Hybond-N+)に転写した。

【0127】次に、上記ナイロメンブレンを、アルカリで処理して転写されたDNAを変性させ、中和した後洗浄した。その後、このナイロメンブレンを80°Cで2時間処理することでDNAをメンブレン上に固定した。

【0128】得られたナイロメンブレンに対し、<1>で得た約540塩基対のDNA断片をプローブに用い、陽性クローンのスクリーニングを行った。上記の約540塩基対のDNA断片を、制限酵素EcoRIで消化後に電気泳動し、約540塩基対のインサートのみを切り出して精製したものを、DNAゲル・検出システム(Gene Images ラベリング・検出システ

ム(Amersham社製))を用いてフルオレセインラベルし、プローブとした。前記のナイロメンブレンを60°Cで30分間、プレハイブリダイゼーションを行い、次いでラベルしたプローブを加えて60°Cで16時間のハイブリダイゼーションを行った。ラベルされたDNAを検出するための抗体(アルカリフォスファターゼ標識抗フルオレセイン抗体)は、50000倍に希釈して用いた。このスクリーニングにおいて陽性クローンの候補株を得た。得られた候補株について上記と同様にスクリーニングをさらに2回繰返し、純化した陽性クローンを取得した。

【0129】上記の陽性クローンをエシエリヒア・コリBM25、8に感染させ、カルベニシリンを含む選択培地で培養することで、cDNAを含むプラスミドベクターpMOSSlox-CRSを切り出した。このプラスミドの挿入cDNAの長さは約2.5kbであった。さらにこのプラスミドで菌種JM109を形質転換し、形質転換体からプラスミドDNAを調製し、これを塩基配列を解析するための試料とした。

20 【0130】挿入cDNAの塩基配列の解析にはTaq DyeDeoxy Terminator Cycle Sequencing Kit(Perkin-Elmer社製)を用いる従来公知の方法で行った。

【0131】その結果、配列表の配列番号4に示す2352塩基対よりなる塩基配列が明らかとなった。この配列中には、本発明者らが用いたDNAプローブの塩基配列と一致する部分が存在した。また、塩基配列から翻訳されるアミノ酸配列を配列番号4及び配列番号5に示した。このアミノ酸配列中には、本発明者らが得たキュウリ由来のラフィノースシンターゼのペプチド1(配列番号5中、アミノ酸番号215~244)、2(配列番号5中、アミノ酸番号61~79)及び3(配列番号5中、アミノ酸番号756~769)と一致する部分が存在し、ラフィノース合成酵素をコードすることが確認された。

【0132】上記のようにして得られたラフィノース合成酵素をコードするDNAを含むプラスミドpMOSSlox-CRSを保持するエシエリヒア・コリJM109の形質転換体AJ13263は、平成8年11月19日より、通商産業省工業技術院生命工学工業技術研究所(郵便番号305 日本国茨城県つくば市東一丁目1番3号)にデータベース契約に基づき国際登録されており、受託番号FERM BP-5748が付与されている。

【0133】

【実施例4】ダイズ由来ラフィノース合成酵素をコードするDNAの取得

<1>ダイズ由来ラフィノース合成酵素遺伝子クローニングのためのプローブの検索

キュウリ由来ラフィノース合成酵素遺伝子全長をプローブとして用いて、ダイズ全RNAに対しノーザンハイブ

35

リダイゼーションを行った。プロブは、キュウリ由来ラフィノース合成酵素遺伝子を含むDNA断片を、実施例3で得られたプラスミドpMosslloxCRSを制限酵素NotIで消化し、アガロースゲル電気泳動に付し、挿入断片を単離し、単離したDNA断片を $\alpha$ -<sup>32</sup>dCTPにてラベルすることによって得た。全RNAとしてはダイズ未熟種子（開花後5〜6週間）よりSDS-フェノール法にて調製した全RNA 30  $\mu$ gを用いた。30分間のハイブリダイゼーションの後、プロブを加えて42℃、一晩、ハイブリダイゼーションを行った。1×SSC、0.1% SDS、60℃の条件で洗浄した。コントロールのキュウリ由来ラフィノース合成酵素のシグナルは認められたが、ダイズ由来RNAに対してははっきりしたシグナルが得られなかった。キュウリ全長をアプローブにするよりも、より保存された領域をアプローブにすることが望ましいと判断した。

【0134】<2>シロイヌナズナのラフィノース合成酵素遺伝子の部分断片の単離

シロイヌナズナの開花後17〜20日の莢125mgを液体窒素中で乳鉢を用いて磨砕した。この磨砕時に3mlの2×CTAB（2%セチルトリメチルアンモニウムブロマイド、0.1M トリス塩酸緩衝液（pH9.5）、1.4M NaCl、0.5% メルカプトエタノール）を加え振盪させ、65℃で10分間振盪した。これをフルンチュペールのブルーマックス（50ml）に移し、3mlのクロロホルム：イソアミルアルコール（24：1（v/v））を加え穏やかに混和し、1200rpmで10分間遠心した。上清を3mlのクロロホルム：イソアミルアルコール（24：1（v/v））にて再度抽出し、1000rpmで25分間遠心した。遠心上清1.8mlに対し、1.5mlのイソアミルアルコールを加え混和し、1200rpmで15分間、4℃にて遠心し沈殿を得た。沈殿を70%エタノールで洗浄し沈殿を乾燥し、1mlのTE緩衝液に溶解した。4分の1量の10M 塩化リチウム溶液を加えて混和し水中で4時間静置し1200rpmで15分間、4℃にて遠心した。沈殿を2M 塩化リチウム、70%エタノールにて洗浄し、乾燥後、100  $\mu$ lのTE緩衝液に溶解した。フェノール：クロロホルム（1：1（v/v））を加え攪拌し、1200rpmで15分間、4℃にて遠心し、水層を得た。この水層をエタノール沈殿に付し、沈殿を70%エタノールで洗浄後、乾燥し、100  $\mu$ lのジエチルピロカ-ボネート処理水に溶解し全RNAとした。得られた全RNAは18.7  $\mu$ gであった。この全RNAから逆転写酵素SuperScript II（GIBCO BRL社製）を用いて一本鎖cDNAを合成した。

【0135】このcDNA混合物からラフィノース合成酵素遺伝子部分断片をPCRにより増幅させるためにプライマーを合成した。プライマーは、キュウリ由来ラフ

36

イノース合成酵素遺伝子と相同性を有するDNAをジーンバンクより検索し、保存されている領域より一本鎖オリゴヌクレオチド（配列番号25、26）として合成した。先の一の本鎖cDNAを鋳型として、このプライマーによりPCRを行ったところ、約250塩基対のDNA断片が増幅された。この断片をTAクローニングキット（INVITROGEN BV社製）を用いてプラスミドpCR2.1にクローニングし塩基配列を解析したところ、配列番号27に示す塩基配列が得られた。キュウリ由来ラフィノース合成酵素と相同性を有するシロイヌナズナ由来ラフィノース合成酵素cDNA部分断片が得られたと認められた。

【0136】<3>ダイズ由来ラフィノース合成酵素cDNAのクローニング

ダイズの開花後5〜6週間の種子4.5gを液体窒素中で乳鉢にて磨砕した。磨砕物より、SDS-フェノール法にて1.3mgの全RNAを抽出した。抽出物をオリゴdTセルロースカラム（poly（A）<sup>+</sup>RNA精製キット：STRATAGENE CLONING SYSTEMS社製）に供し、約6  $\mu$ gのpoly（A）<sup>+</sup>RNAを単離した。このうち約2  $\mu$ gのpoly（A）<sup>+</sup>RNAからTimeSaver cDNA合成キット（Pharmacia biotech社製）にて、オリゴdTプライマーにより二本鎖cDNAを合成した。得られたcDNAをスファージベクターMOSS10x（Amersham社製）のEcoRI制限酵素切断部位に組み込んだ後、GigaPack III Goldパッケージングキット（STRATAGENE CLONING SYSTEMS社製）を用いてスファージ粒子中に取り込ませダイズのcDNAライブラリーを調製した。なお、本ライブラリーのタイターは $1.42 \times 10^7$  pfu/ $\mu$ gベクターDNAであった。

【0137】ダイズcDNAライブラリーから $1.5 \times 10^5$  pfuに相当するフレンジを、キュウリcDNAライブラリーと同様に、ナイロンメンブラン（Hybond-N<sup>+</sup>；Amersham社製）に転写し固定した。1枚のプレートに対し、2枚のメンブランを転写し2セットを用意した。得られたメンブランに対し、<2>で得られたシロイヌナズナ由来ラフィノース合成酵素cDNA遺伝子部分断片を用いてスクリーニングを行った。このDNA断片は、Gene Imagesラベリング検出システム（Amersham社製）を用いてフルオレセインラベルしアプローブとした。ハイブリダイゼーション及び検出は、キュウリcDNAライブラリースクリーニングと同様に行った。ただし、メンブランの洗浄は、1セットを1×SSC、0.1% SDSで、1セットを0.1×SSC、0.1% SDSで60℃にて行った。両条件下で陽性のクローニング候補株を15個得、候補株について上記と同様にスクリーニングをさらに1回繰り返して純化したクローン5株を取得した。

【0138】上記陽性クローンをE. coli BM2 5. 8に感染させ、cDNAを含むプラスミドを切り出した。さらに、このプラスミドで、E. coli JM 109を形質転換し、形質転換体よりプラスミドDNAを調製し塩基配列解析試料とした。塩基配列解析はキュウリ由来ラフィノース合成酵素遺伝子と同様に行った。5クローンのうちの一つであるpMOSS10xSRSは、塩基配列解析より、ゲイズ由来ラフィノース合成酵素遺伝子全長を含むことが確認された。

【0139】pMOSS10xSRSの挿入断片は、配列番号23に示す2780塩基対よりなる配列を有しており、750アミノ酸からなるラフィノース合成酵素をコードしていた。他のクローンの挿入断片は、pMOSS10xSRSのものより短くラフィノース合成酵素遺伝子の5'側を欠失していた。

【0140】上記のようにして得られたラフィノース合成酵素をコードするDNAを含むDNA断片を含むプラスミドpMOSS10xSRSを保持するエシェリヒア・コリJM109の形質転換体AJ13379は、平成9年10月20日から、通商産業省工業技術院生命工芸技術研究所(郵便番号305 日本国茨城県つくば市東一丁目1番3号)にプラベント条約に基づき国際寄託されており、受託番号FERM BP-6149が付与されている。

【0141】

【実施例5】 ラフィノース合成酵素をコードするDNAを含むキメラ遺伝子及び形質転換植物

<1>キメラ遺伝子を含むプラスミドの構築

アグロバクテリウムとしてLBA4404、バイナリベクターとしてpBI121 (CLONTECH社)を用いて、シロイヌナズナにラフィノース合成酵素のDNA断片を導入した。pBI121は、pBIN19由来のプラスミドであり、ノバリン合成酵素遺伝子プロモーター、ネオマイシンホストトランスフェラーゼ構造遺伝子(NPTII)、ノバリン合成酵素遺伝子ターミネーター(Nos-ter)、CaMV 35Sプロモーター、GUS(β-グルコニダーゼ)遺伝子、及びNos-terが接続し、これらの両側に植物への移行が可能な配列を有する。CaMV 35Sプロモーターの下流にはSmaI部位があり、この部位に挿入されたインサートは該プロモーターの制御下で発現する。

【0142】バイナリベクターpBI121に、実施例3で得られたキュウリ由来ラフィノース合成酵素遺伝子断片を挿入した。ラフィノース合成酵素遺伝子をDraI消化し、配列表配列番号4において1382番目から2529番目までの塩基を含むDNA断片をアガロースゲル電気泳動により調製した。この断片をpBI121のSmaIサイトにライゲーションした。このライゲーション反応液を用いてエシェリヒア・コリHB101を形質転換し、形質転換体から組換えプラスミドを調製

した。得られた組換えプラスミドのうち、CaMV 35Sプロモーターにラフィノース合成酵素DNA断片が逆向きに接続したもの(アンチセンス)、正の向きに接続したもの(センス)のものを2種選択し、それぞれ、pBICRS1及びpBICRS9と命名した。

【0143】また、ラフィノース合成酵素を発現させるキメラ遺伝子を含むプラスミドを構築した。ラフィノース合成酵素遺伝子を含むpMOSS10xCRSをNotI消化し、ラフィノース合成酵素遺伝子断片をアガロースゲル電気泳動により調製した。このDNA断片のNotI切断部位をdNTPを用いたTaqポリメラーゼ反応によってフィルインし、3'側にA塩基を突出させたCRS断片を得た。一方、pBI121はSmaI消化し、アガロースゲル電気泳動にて直鎖状のDNAを精製し、dTTPを用いてTaqポリメラーゼ反応を行い、3'側にT塩基を付加させたpBI121/SmaIを得た。精製した後、CRS断片をpBI121/SmaIにライゲーションした。このライゲーション反応液を用いてエシェリヒア・コリHB101を形質転換した。得られた形質転換体よりプラスミドDNAを調製し、これを制限酵素EcoRI、BamHI、XhoIのそれぞれ、及び、組み合わせによる消化を行った。得られた断片の分子量をアガロース電気泳動で測定し、物理的地図を作成した。作成した物理的地図から、組換えプラスミドのうち、CaMV 35Sプロモーターに対し、ラフィノース合成酵素遺伝子が正方向に接続したものを並び、pBICRS1と名付けた。

【0144】上記のようにして得られたプラスミドを、これらを含むエシェリヒア・コリHB101とアグロバクテリウムLBA4404をトリペアレントルメイティングすることによりアグロバクテリウムLBA4404に導入した。

【0145】<2>形質転換

シロイヌナズナの形質転換は以下に行った。シロイヌナズナ(Arabidopsis thaliana)の種子は、吸水処理後、1%Tween20を含む80%エタノールにて5分間、同じく1%Tween20を含む10%次亜塩素酸ナトリウムで10分間処理し、滅菌水で5回洗浄して殺菌した。これを、1%低融点アガロースに懸濁し、MS培地(MS基本培地(Murashige and Skoog, Physiologia Plantarum, 15, 473-497 (1962))、B5ビタミン、10g/L スクロース 0.5g/L MES、pH5.8)にまいた。これを、22℃、16時間光照射、8時間暗期の培養室にて1週間培養し、双葉が開閉したものをロックワールに定植した。同条件で培養を続け、約3週間後、植物が抽台し、茎の高さが数cmになったところで摘心をした。摘心後1週間し、伸長した側枝の最初の花が開花した状態で生育させた。

【0146】ラフィノース合成酵素遺伝子を含む組換え

プラスミドを導入したアグロバクテリウムの前培養を2 m lのLB培地で行った。これを、50 m g/Lカナマイシン、25 m g/Lストレプトマイシン含有のLB培地に接種し28℃で、約1日培養した。室温で集菌し、浸潤用懸濁培地(1/2MS塩、1/2ガンボルグ(Gamborg) B5ビタミン、5%スクロース、0.5 g/L MES、pH5.7 (KOH)、使用直前にベンジルアミノプリンを最終濃度0.044 μM、またシルウェット(Silwet L77)を1 L当たり200 μl (最終濃度0.02%)加える)に菌液のOD<sub>600</sub>が0.8になるように懸濁した。

【0147】浸潤を行う植物より開花結実している花を取り除いた。ロックワールを逆さにして、前記アグロバクテリウム懸濁液に結実していない花を漬け、デシケータに入れて、40 mm HGで15分間減圧した。2から4週間で、種子を集めた。収穫した種子は、デシケータ\*

\*で保存した。

【0148】つぎに、選抜培地にて、形質転換体を選抜した。先に述べたように種子を殺菌し、選抜培地(MS塩、ガンボルグB5ビタミン、1%スクロース、0.5 g/L MES、pH5.8、0.8%寒天;オートクレープ後、選択用抗生物質、カルベニシリン(最終濃度100 m g/L、カナマイシン(最終濃度50 m g/L)を加える)にて22℃で培養し、耐性植物を選抜した。耐性植物は新しい培地に移し、本葉が展開するまで育てた。ここの植物から種子を収穫した。同様の選抜を繰り返して、T3種子を獲得した。T3種子について、先に述べた方法によりラフィノース含量を定量した。結果を3に示す。

【0149】

【表3】

表3

植物(プラスミド)	ラフィノース含量(m g/g)
野生株	0.20
形質転換体(pBICRS1)	0.00
形質転換体(pBICRS9)	0.00
形質転換体(pBISRS1)	0.22

【0150】

【発明の効果】本発明により、精製されたラフィノース合成酵素、ラフィノース合成酵素遺伝子、ラフィノース合成酵素遺伝子と植物で発現可能な制御領域を有するキメラ遺伝子、及びこのキメラ遺伝子が導入された植物が提供される。

【0151】本発明のラフィノース合成酵素を用いることにより、スクロース及びガラクトースから効率よくラフィノースを合成することができる。また、本発明のラフィノース合成酵素遺伝子又はキメラ遺伝子を利用す※

※ることにより、植物のラフィノース族オリゴ糖含量を変化させることができる。

【0152】

【配列表】

配列番号: 1

配列の長さ: 30

配列の型: アミノ酸

トポロジー: 直鎖状

配列の種類: ペプチド

フラグメント型: 中間部ペプチド

配列

Phe	Gly	Trp	Cys	Thr	Trp	Asp	Ala	Phe	Tyr	Leu	Thr	Val	His	Pro	Gln
1					5					10				15	
Gly	Val	Ile	Glu	Gly	Val	Arg	His	Leu	Val	Asp	Gly	Gly	Cys		
					20					25				30	

【0153】配列番号: 2

配列の長さ: 19

配列の型: アミノ酸

★トポロジー: 直鎖状

配列の種類: ペプチド

★フラグメント型: 中間部ペプチド

配列

Pro	Val	Ser	Val	Gly	Cys	Phe	Val	Gly	Phe	Asp	Ala	Ser	Glu	Pro	Asp
1					5					10				15	
Ser	Arg	His													

【0154】配列番号: 3

配列の長さ: 14

配列の型: アミノ酸

☆トポロジー: 直鎖状

配列の種類: ペプチド

☆50 フラグメント型: 中間部ペプチド

(22)

特開平11-123080

41

42

配列

Tyr Asp Gln Asp Gln Met Val Val Val Gln Val Pro Trp Pro

1

5

10

【015】配列番号: 4

\* 起源

配列の長さ: 2569

生物名: キュウリ (Cucumis sativus)

配列の型: 核酸

配列の特徴

鎖の数: 二本鎖

特徴を表す記号: CDS

トポロジー: 直鎖状

存在位置: 56..2407

配列の種類: cDNA to mRNA

\*

配列

AAAAAACAC CTTCTTTA GTTTTGGG TTGTTCTT CTTTCTCT CACAA ATG	58
Met	
1	
GCT CCT AGT TTT AAA AAT GGT GGC TCC AAC GTA GTT TCA TTT GAT GGC	106
Ala Pro Ser Phe Lys Asn Gly Gly Ser Asn Val Val Ser Phe Asp Gly	
5 10 15	
TTA AAT GAC ATG TCG TCA CCG TTT GCA ATC GAC GGA TCG GAT TTC ACT	154
Leu Asn Asp Met Ser Ser Pro Phe Ala Ile Asp Gly Ser Asp Phe Thr	
20 25 30	
GTG AAC GGT CAT TCG TTT CTG TCC GAT GTT CCT GAG AAC ATT GTT GCT	202
Val Asn Gly His Ser Phe Leu Ser Asp Val Pro Glu Asn Ile Val Ala	
35 40 45	
TCT CTT TCT CCG TAC ACT TCG ATA GAC AAG TCC CCG GTT TCG GTT GGT	250
Ser Pro Ser Pro Tyr Thr Ser Ile Asp Lys Ser Pro Val Ser Val Gly	
50 55 60 65	
TGC TTT GTT GGA TTC GAC GCG TCG GAA OCT GAT AGC CGA CAT GTT GTT	298
Cys Phe Val Gly Phe Asp Ala Ser Glu Pro Asp Ser Arg His Val Val	
70 75 80	
TCG ATT GGG AAG CTG AAG GAT ATT CCG TTT ATG AGT ATT TTC AGG TTT	346
Ser Ile Gly Lys Leu Lys Asp Ile Arg Phe Met Ser Ile Phe Arg Phe	
85 90 95	
AAG GTT TGG TGG ACT ACA CAC TGG GTT GGT CGA AAT GGT GGG GAT CTT	394
Lys Val Trp Trp Thr Thr His Trp Val Gly Arg Asn Gly Gly Asp Leu	
100 105 110	
GAA TCG GAG ACT CAG ATT GTG ATC CTT GAG AAG TCA GAT TCT GGT CGA	442
Glu Ser Glu Thr Gln Ile Val Ile Leu Glu Lys Ser Asp Ser Gly Arg	
115 120 125	
CCG TAT GTT TTC CTT CTT CCG ATC GTT GAG GGA CCG TTC CGA ACC TCG	490
Pro Tyr Val Phe Leu Leu Pro Ile Val Glu Gly Pro Phe Arg Thr Ser	
130 135 140 145	
ATT CAG CCT GGG GAT GAT GAC TTT GTC GAT GTT TGT GTC GAG AGT GGT	538
Ile Gln Pro Gly Asp Asp Phe Val Asp Val Cys Val Glu Ser Gly	
150 155 160	
TCG TCG AAA GTT GTT GAT GCA TCG TTC CGA AGT ATG TTG TAT CTT CAT	586
Ser Ser Lys Val Val Asp Ala Ser Phe Arg Ser Met Leu Tyr Leu His	
165 170 175	
GCT GGT GAT GAT CCG TTT GCA CTT GTT AAA GAG GCG ATG AAG ATC GTG	634
Ala Gly Asp Asp Pro Phe Ala Leu Val Lys Glu Ala Met Lys Ile Val	
180 185 190	
AGG ACC CAT CTT GSA ACT TTT CGC TTG TTG GAG GAG AAG ACT CCA CCA	682

43

Arg	Thr	His	Leu	Gly	Thr	Phe	Arg	Leu	Leu	Glu	Gly	Lys	Thr	Pro	Pro	
195						200				205						
GGT	ATC	GTG	GAC	AAA	TTC	GGT	TGG	TGC	ACG	TGG	GAC	GGC	TTT	TAC	CTA	730
Gly	Ile	Val	Asp	Lys	Phe	Gly	Trp	Cys	Thr	Trp	Asp	Ala	Phe	Tyr	Leu	
210					215					220					225	
ACG	GTT	CAT	CCA	CAG	GGC	GTA	ATA	GAA	GGC	GTG	AGC	GAT	CTC	GTC	GAC	778
Thr	Val	His	Pro	Gln	Gly	Val	Ile	Glu	Gly	Val	Arg	His	Leu	Val	Asp	
				230						235				240		
GGC	GGT	TGT	CGT	CCC	GGT	TTA	GTC	CTA	ATC	GAC	GAT	GGT	TGG	CAC	TCC	826
Gly	Gly	Cys	Pro	Pro	Gly	Leu	Val	Leu	Ile	Asp	Asp	Gly	Trp	Gln	Ser	
				245						250				255		
ATC	GGA	CAC	GAT	TGC	GAT	CCC	ATC	ACC	AAA	GAA	GGA	ATG	AAC	CAA	ACC	874
Ile	Gly	His	Asp	Ser	Asp	Pro	Ile	Thr	Lys	Glu	Gly	Met	Asn	Gln	Thr	
				260						265				270		
GTC	GCC	GGC	GAG	CAA	ATG	CCC	TGC	CGT	CTT	TTG	AAA	TTC	CAA	GAG	AAT	922
Val	Ala	Gly	Glu	Gln	Met	Pro	Cys	Arg	Leu	Leu	Lys	Phe	Gln	Glu	Asn	
				275						280				285		
TAC	AAA	TTC	CGT	GAC	TAC	GTC	AAT	CCC	ANG	GCC	ACC	GGC	CCC	CGA	GCC	970
Tyr	Lys	Phe	Arg	Asp	Tyr	Val	Asn	Pro	Lys	Ala	Thr	Gly	Pro	Arg	Ala	
				290						300				305		
GGC	CAG	ANG	GGG	ATG	AAG	GCG	TTT	ATA	GAT	GAA	CTC	AAA	GGA	GAG	TTT	1018
Gly	Gln	Lys	Gly	Met	Lys	Ala	Phe	Ile	Asp	Glu	Leu	Lys	Gly	Glu	Phe	
				310						315				320		
AAG	ACT	GTG	GAG	CAT	GTT	TAT	GTT	TGG	CAT	GCT	TTG	TGT	GGA	TAT	TGG	1066
Lys	Thr	Val	Glu	His	Val	Tyr	Val	Trp	His	Ala	Leu	Cys	Gly	Tyr	Trp	
				325						330				335		
GGT	GGC	CTT	CGC	CCG	CAG	GTG	CCT	GGC	TTG	CCT	GAG	GCA	CGT	GTG	ATT	1114
Gly	Gly	Leu	Arg	Pro	Gln	Val	Pro	Gly	Leu	Pro	Glu	Ala	Arg	Val	Ile	
				340						345				350		
CAG	CCA	GTG	CTT	TCA	CCA	GGG	CTG	CAG	ATG	ACG	ATG	GAG	GAT	TTG	GCG	1162
Gln	Pro	Val	Leu	Ser	Pro	Gly	Leu	Gln	Met	Thr	Met	Glu	Asp	Leu	Ala	
				355						360				365		
GTG	GAT	AAG	ATT	GTT	CTT	CAT	ANG	GTC	GGG	CTG	GTC	CGC	CCG	GAG	ANG	1210
Val	Asp	Lys	Ile	Val	Leu	His	Lys	Val	Gly	Leu	Val	Pro	Pro	Glu	Lys	
				370						375				380		
GCT	GAG	GAG	ATG	TAC	GAA	GGA	CTT	CAT	GCT	CAT	TTG	GAA	AAA	GTT	GGG	1258
Ala	Glu	Glu	Met	Tyr	Glu	Gly	Leu	His	Ala	His	Leu	Glu	Lys	Val	Gly	
				390						395				400		
ATC	GAC	GGT	GTT	ANG	ATT	GAC	GTT	ATC	CAC	CTA	TTG	GAG	ATG	TTG	TGT	1306
Ile	Asp	Gly	Val	Lys	Ile	Asp	Val	Ile	His	Leu	Leu	Glu	Met	Leu	Cys	
				405						410				415		
GAA	GAC	TAT	GGA	GGG	AGA	GTG	GAT	TTG	GCA	ANG	GCA	TAT	TAC	AAA	GCA	1354
Glu	Asp	Tyr	Gly	Gly	Arg	Val	Asp	Leu	Ala	Lys	Ala	Tyr	Tyr	Lys	Ala	
				420						425				430		
ATG	ACC	AAA	TCA	ATA	AAT	AAA	CAT	TTT	AAA	GGA	AAT	GGA	GTC	ATT	GCA	1402
Met	Thr	Lys	Ser	Ile	Asn	Lys	His	Phe	Lys	Gly	Asn	Gly	Val	Ile	Ala	
				435						440				445		
AGT	ATG	GAA	CAT	TGT	AAC	GAC	TTC	ATG	TTC	CTT	GGC	ACG	GAA	GCT	ATC	1450
Ser	Met	Glu	His	Cys	Asn	Asp	Phe	Met	Phe	Leu	Gly	Thr	Glu	Ala	Ile	
				450						455				460		



45

TCT CTT GGT CGT GTT GGT GAT GAC TTT TGG TGC ACG GAC CCC TCT GGT	1498
Ser Leu Gly Arg Val Gly Asp Asp Phe Trp Cys Thr Asp Pro Ser Gly	
470 475 480	
GAT CCA AAC GGT ACG TTT TGG CTC CAA GGA TGT CAC ATG GTT CAT TGT	1546
Asp Pro Asn Gly Thr Phe Trp Leu Gln Gly Cys His Met Val His Cys	
485 490 495	
GCC AAC GAC AGC TTG TGG ATG GGG AAC TTC ATC CAC CCT GAC TGG GAT	1594
Ala Asn Asp Ser Leu Trp Met Gly Asn Phe Ile His Pro Asp Trp Asp	
500 505 510	
ATG TTC CAA TCC ACC CAC CCT TGT GCC GCC TTC CAT GCT GCC TCT CGA	1642
Met Phe Gln Ser Thr His Pro Cys Ala Ala Phe His Ala Ala Ser Arg	
515 520 525	
GCC ATC TCT GGT GGC CCG ATC TAT GTT AGT GAT TCT GTG GGA AAG CAT	1690
Ala Ile Ser Gly Gly Pro Ile Tyr Val Ser Asp Ser Val Gly Lys His	
530 535 540 545	
AAC TTT GAT CTT CTG AAA AAA CTA GTG CTT CCT GAT GGA TCG ATC CTT	1738
Asn Phe Asp Leu Leu Lys Lys Leu Val Leu Pro Asp Gly Ser Ile Leu	
550 555 560	
CGA AGT GAG TAC TAT GCA CTC CCG ACT GCG GAT TGT TTG TTT GAA GAC	1786
Arg Ser Glu Tyr Thr Ala Leu Pro Thr Arg Asp Cys Leu Phe Glu Asp	
565 570 575	
CCT TTG CAT AAT GGA GAA ACT ATG CTT AAG ATT TGG AAT CTC AAC AAG	1834
Pro Leu His Asn Gly Glu Thr Met Leu Lys Ile Trp Asn Leu Asn Lys	
580 585 590	
TTC ACT GGA GTG ATT GGT GCA TTC AAC TGC CAA GGA GGA TGG TGT	1882
Phe Thr Gly Val Ile Gly Ala Phe Asn Cys Gln Gly Gly Trp Cys	
595 600 605	
CGT GAG ACA GCG GCG AAC CAA TGC TTT TCA CAA TAC TCA AAA CGA GTG	1930
Arg Glu Thr Arg Arg Asn Gln Cys Phe Ser Gln Tyr Ser Lys Arg Val	
610 615 620 625	
ACA TCC AAA ACT AAC CCA AAA GAC ATA GAA TGG CAC AGT GGA GAA AAC	1978
Thr Ser Lys Thr Asn Pro Lys Asp Ile Glu Trp His Ser Gly Glu Asn	
630 635 640	
CCT ATC TCT ATT GAA GGC GTT AAA ACC TTT GCG CTT TAC CTC TAT CAA	2026
Pro Ile Ser Ile Glu Gly Val Lys Thr Phe Ala Leu Tyr Leu Tyr Gln	
645 650 655	
GCC AAA AAA CTT ATC CTC TCC AAG CCC TCT CAA GAT CTT GAC ATA GCT	2074
Ala Lys Lys Leu Ile Leu Ser Lys Pro Ser Gln Asp Leu Asp Ile Ala	
660 665 670	
CTT GAC CCA TTC GAA TTC GAG CTC ATC ACT GTT TCA CCA GTG ACC AAA	2122
Leu Asp Pro Phe Glu Phe Glu Leu Ile Thr Val Ser Pro Val Thr Lys	
675 680 685	
CTC ATC CAA ACT TCT CTA CAC TTT GCC CCA ATT GGG CTG GTG AAC ATG	2170
Leu Ile Gln Thr Ser Leu His Phe Ala Pro Ile Gly Leu Val Asn Met	
690 695 700 705	
CTT AAC ACT AGT GGA GCC ATC CAA TCT GTG GAC TAT GAC GAT GAC CTA	2218
Leu Asn Thr Ser Gly Ala Ile Gln Ser Val Asp Tyr Asp Asp Asp Leu	
710 715 720	
AGC TCA GTC GAG ATT GGT GTC AAA GGG TGT GGT GAG ATG CGA GTA TTT	2266
Ser Ser Val Glu Ile Gly Val Lys Gly Cys Gly Glu Met Arg Val Phe	

(25)

特開平11-123080

47

48

725	730	735	
GCA TCG AAA AAA CCA AGG GCT TGT CGT ATT GAT GGG GAG GAT GTT GGG			2314
Ala Ser Lys Lys Pro Arg Ala Cys Arg Ile Asp Gly Glu Asp Val Gly			
740	745	750	
TTC AAG TAT GAT CAG GAC CAA ATG GTG GTG GTT CAA GTG CCA TGG CCA			2362
Phe Lys Tyr Asp Gln Asp Gln Met Val Val Val Gln Val Pro Trp Pro			
755	760	765	
ATT GAT TCT TCA TCG GGT GGC ATT TCG GTT ATC GAG TAC TTG TTT			2407
Ile Asp Ser Ser Ser Gly Gly Ile Ser Val Ile Glu Tyr Leu Phe			
770	775	780	
TAATTTTAT TTATGTARAG CTCATGATT GTTGTGTGTG TCGCTGTGT TGCATCAAT			2467
GTATTTCTCT CCAAAAGAAA ATTAATGTGA ATTTGGAGAG TAATTAAGTG AGTKAAATTT			2527
TAAATAARAC TACTTTTAT TATTATCAAA AAAAAAAAAA AA			2569

【0156】配列番号: 5

\* トポロジ: 直鎖状

配列の長さ: 784

配列の種類: タンパク質

配列の型: アミノ酸

\*

配列

Met	Ala	Pro	Ser	Phe	Lys	Asn	Gly	Ser	Asn	Val	Val	Ser	Phe	Asp
1				5				10					15	
Gly	Leu	Asn	Asp	Met	Ser	Ser	Pro	Phe	Ala	Ile	Asp	Gly	Ser	Asp
		20					25					30		
Thr	Val	Asn	Gly	His	Ser	Phe	Leu	Ser	Asp	Val	Pro	Glu	Asn	Ile
	35					40					45			
Ala	Ser	Pro	Ser	Pro	Tyr	Thr	Ser	Ile	Asp	Lys	Ser	Pro	Val	Ser
	50					55				60				
Gly	Cys	Phe	Val	Gly	Phe	Asp	Ala	Ser	Glu	Pro	Asp	Ser	Arg	His
	65				70				75				80	
Val	Ser	Ile	Gly	Lys	Leu	Lys	Asp	Ile	Arg	Phe	Met	Ser	Ile	Phe
			85					90				95		
Phe	Lys	Val	Trp	Trp	Thr	Thr	His	Trp	Val	Gly	Arg	Asn	Gly	Gly
	100						105					110		
Leu	Glu	Ser	Glu	Thr	Gln	Ile	Val	Ile	Leu	Glu	Lys	Ser	Asp	Ser
	115						120					125		
Arg	Pro	Tyr	Val	Phe	Leu	Leu	Pro	Ile	Val	Glu	Gly	Pro	Phe	Arg
	130					135					140			
Ser	Ile	Gln	Pro	Gly	Asp	Asp	Asp	Phe	Val	Asp	Val	Cys	Val	Glu
	145				150						155			160
Gly	Ser	Ser	Lys	Val	Val	Asp	Ala	Ser	Phe	Arg	Ser	Met	Leu	Tyr
			165					170				175		
His	Ala	Gly	Asp	Asp	Pro	Phe	Ala	Leu	Val	Lys	Glu	Ala	Met	Lys
		180					185					190		
Val	Arg	Thr	His	Leu	Gly	Thr	Phe	Arg	Leu	Leu	Glu	Glu	Lys	Thr
	195						200					205		
Pro	Gly	Ile	Val	Asp	Lys	Phe	Gly	Trp	Cys	Thr	Trp	Asp	Ala	Phe
	210					215						220		
Leu	Thr	Val	His	Pro	Gln	Gly	Val	Ile	Glu	Gly	Val	Arg	His	Leu
	225				230				235				240	
Asp	Gly	Gly	Cys	Pro	Pro	Gly	Leu	Val	Leu	Ile	Asp	Asp	Gly	Trp
			245					250				255		
Ser	Ile	Gly	His	Asp	Ser	Asp	Pro	Ile	Thr	Lys	Glu	Gly	Met	Asn

49	260	265	270
Thr Val Ala Gly Glu Gln Met Pro Cys Arg Leu Leu Lys Phe Gln Glu			
275	280	285	
Asn Tyr Lys Phe Arg Asp Tyr Val Asn Pro Lys Ala Thr Gly Pro Arg			
290	295	300	
Ala Gly Gln Lys Gly Met Lys Ala Phe Ile Asp Glu Leu Lys Gly Glu			
305	310	315	320
Phe Lys Thr Val Glu His Val Tyr Val Trp His Ala Leu Cys Gly Tyr			
325	330	335	
Trp Gly Gly Leu Arg Pro Gln Val Pro Gly Leu Pro Glu Ala Arg Val			
340	345	350	
Ile Gln Pro Val Leu Ser Pro Gly Leu Gln Met Thr Met Glu Asp Leu			
355	360	365	
Ala Val Asp Lys Ile Val Leu His Lys Val Gly Leu Val Pro Pro Glu			
370	375	380	
Lys Ala Glu Glu Met Tyr Glu Gly Leu His Ala His Leu Glu Lys Val			
385	390	395	400
Gly Ile Asp Gly Val Lys Ile Asp Val Ile His Leu Leu Glu Met Leu			
405	410	415	
Cys Glu Asp Tyr Gly Gly Arg Val Asp Leu Ala Lys Ala Tyr Tyr Lys			
420	425	430	
Ala Met Thr Lys Ser Ile Asn Lys His Phe Lys Gly Asn Gly Val Ile			
435	440	445	
Ala Ser Met Glu His Cys Asn Asp Phe Met Phe Leu Gly Thr Glu Ala			
450	455	460	
Ile Ser Leu Gly Arg Val Gly Asp Asp Phe Trp Cys Thr Asp Pro Ser			
465	470	475	480
Gly Asp Pro Asn Gly Thr Phe Trp Leu Gln Gly Cys His Met Val His			
485	490	495	
Cys Ala Asn Asp Ser Leu Trp Met Gly Asn Phe Ile His Pro Asp Trp			
500	505	510	
Asp Met Phe Gln Ser Thr His Pro Cys Ala Ala Phe His Ala Ala Ser			
515	520	525	
Arg Ala Ile Ser Gly Gly Pro Ile Tyr Val Ser Asp Ser Val Gly Lys			
530	535	540	
His Asn Phe Asp Leu Leu Lys Lys Leu Val Leu Pro Asp Gly Ser Ile			
545	550	555	560
Leu Arg Ser Glu Tyr Tyr Ala Leu Pro Thr Arg Asp Cys Leu Phe Glu			
565	570	575	
Asp Pro Leu His Asn Gly Glu Thr Met Leu Lys Ile Trp Asn Leu Asn			
580	585	590	
Lys Phe Thr Gly Val Ile Gly Ala Phe Asn Cys Gln Gly Gly Tyr Trp			
595	600	605	
Cys Arg Glu Thr Arg Arg Asn Gln Cys Phe Ser Gln Tyr Ser Lys Arg			
610	615	620	
Val Thr Ser Lys Thr Asn Pro Lys Asp Ile Glu Trp His Ser Gly Glu			
625	630	635	640
Asn Pro Ile Ser Ile Glu Gly Val Lys Thr Phe Ala Leu Tyr Leu Tyr			
645	650	655	
Gln Ala Lys Lys Leu Ile Leu Ser Lys Pro Ser Gln Asp Leu Asp Ile			

(27)

特開平11-123080

51

52

660 665 670  
 Ala Leu Asp Pro Phe Glu Phe Glu Leu Ile Thr Val Ser Pro Val Thr  
 675 680 685  
 Lys Leu Ile Gln Thr Ser Leu His Phe Ala Pro Ile Gly Leu Val Asn  
 690 695 700  
 Met Leu Asn Thr Ser Gly Ala Ile Gln Ser Val Asp Tyr Asp Asp Asp  
 705 710 715 720  
 Leu Ser Ser Val Glu Ile Gly Val Lys Gly Cys Gly Glu Met Arg Val  
 725 730 735  
 Phe Ala Ser Lys Lys Pro Arg Ala Cys Arg Ile Asp Gly Glu Asp Val  
 740 745 750  
 Gly Phe Lys Tyr Asp Gln Asp Gln Met Val Val Val Gln Val Pro Trp  
 755 760 765  
 Pro Ile Asp Ser Ser Ser Gly Gly Ile Ser Val Ile Glu Tyr Leu Phe  
 770 775 780

【0157】配列番号: 6

配列の長さ: 23

配列の型: 核酸

配列

TTYTAYCTBA CHGTNCAYCC TCA

\* 鎖の数: 一本鎖

トポロジ: 直鎖状

\* 配列の種類: 他の核酸 合成DNA

23

【0158】配列番号: 7

配列の長さ: 23

配列の型: 核酸

配列

TTYTAYCTBA CHGTNCAYCC CCA

※ 鎖の数: 一本鎖

トポロジ: 直鎖状

※ 配列の種類: 他の核酸 合成DNA

23

【0159】配列番号: 8

配列の長さ: 23

配列の型: 核酸

配列

TTYTAYCTBA CHGTNCAYCC ACA

★ 鎖の数: 一本鎖

トポロジ: 直鎖状

★ 配列の種類: 他の核酸 合成DNA

23

【0160】配列番号: 9

配列の長さ: 23

配列の型: 核酸

配列

TTYTAYCTBA CHGTNCAYCC GCA

☆ 鎖の数: 一本鎖

トポロジ: 直鎖状

☆ 配列の種類: 他の核酸 合成DNA

23

【0161】配列番号: 10

配列の長さ: 26

配列の型: 核酸

鎖の数: 一本鎖

トポロジ: 直鎖状

配列

GARGGNTNM GNCAYCTBGT NGAYGG

◆ 配列の種類: 他の核酸 合成DNA

配列の特徴:

その他の情報: 6番目及び11番目のヌクレオチドNはイノシンを、他のNは、A、G、C又はTを表す。

◆40

26

【0162】配列番号: 11

配列の長さ: 26

配列の型: 核酸

鎖の数: 一本鎖

トポロジ: 直鎖状

配列

GARGGNTNM GNCAYCTYGT NGAYGG

\* 配列の種類: 他の核酸 合成DNA

配列の特徴:

その他の情報: 6番目及び11番目のヌクレオチドNはイノシンを、他のNは、A、G、C又はTを表す。

\*

26

【0163】配列番号: 12

※50※配列の長さ: 26

		(28)	特開平11-123080
53		54	
配列の型: 核酸		* 配列の特徴:	
鎖の数: 一本鎖		その他の情報: 6番目及び11番目のヌクレオチドNはイ	
トポロジー: 直鎖状		ノシンを、他のNは、A、G、C又はTを表す。	
配列の種類: 他の核酸 合成DNA	*		
配列			26
GARGGGNTNM GNCAYTTTGT NGAYGG		* 配列の種類: 他の核酸 合成DNA	
【0164】配列番号: 13		配列の特徴:	
配列の長さ: 26		その他の情報: 3番目のヌクレオチドNはイノシンを、	
配列の型: 核酸	10	他のNは、A、G、C又はTを表す。	
鎖の数: 一本鎖	※		
トポロジー: 直鎖状			
配列			26
GTNGGNTGYT TYGTNGGYTT YGAYGC		★配列の種類: 他の核酸 合成DNA	
【0165】配列番号: 14		配列の特徴:	
配列の長さ: 26		その他の情報: 3番目のヌクレオチドNはイノシンを、	
配列の型: 核酸		他のNは、A、G、C又はTを表す。	
鎖の数: 一本鎖	★		
トポロジー: 直鎖状			
配列			26
GTNGGNTGYT TYGTNGGRTT YGAYGC		☆配列の種類: 他の核酸 合成DNA	
【0166】配列番号: 15		配列の特徴:	
配列の長さ: 29		その他の情報: 9番目及び11番目のヌクレオチドNはイ	
配列の型: 核酸	☆	ノシンを、他のNは、A、G、C又はTを表す。	
鎖の数: 一本鎖			
トポロジー: 直鎖状			
配列			29
TTYGAYGCNT GNGARCCHGA YTCDCGNCA		◆配列の種類: 他の核酸 合成DNA	
【0167】配列番号: 16		配列の特徴:	
配列の長さ: 30		その他の情報: 9番目及び11番目のヌクレオチドNはイ	
配列の型: 核酸	30	ノシンを、他のNは、A、G、C又はTを表す。	
鎖の数: 一本鎖	◆		
トポロジー: 直鎖状			
配列			30
TTYGAYGCNT GNGARCCHGA YTCDCGYCAY		* 鎖の数: 一本鎖	
【0168】配列番号: 17		トポロジー: 直鎖状	
配列の長さ: 20		* 配列の種類: 他の核酸 合成DNA	
配列の型: 核酸	*		
配列			20
GAYCARGAYC TRATGGTNGT		40※配列の種類: 他の核酸 合成DNA	
【0169】配列番号: 18		配列の特徴:	
配列の長さ: 26		その他の情報: 6番目及び15番目のヌクレオチドNはイ	
配列の型: 核酸		ノシンを、他のNは、A、G、C又はTを表す。	
鎖の数: 一本鎖	※		
トポロジー: 直鎖状			
配列			26
CCCTGACACYA GRTGCKNAC NCCYTC		★トポロジー: 直鎖状	
【0170】配列番号: 19		配列の種類: 他の核酸 合成DNA	
配列の長さ: 26		配列の特徴:	
配列の型: 核酸	★50	その他の情報: 6番目及び15番目のヌクレオチドNはイ	
鎖の数: 一本鎖			

ノシンを、他のNは、A、G、C又はTを表す。

## 配列

CERTONACRA GTGNGCKNAC NCCYTC

26

【0171】配列番号：20

\*配列の種類：他の核酸 合成DNA

配列の長さ：26

配列の特徴：

配列の型：核酸

その他の情報：6番目及び18番目のヌクレオチドNはイ

鎖の数：一本鎖

ノシンを、他のNは、A、G、C又はTを表す。

トポロジー：直鎖状

\*

## 配列

CORTNACYA TRTGCKNAC NCCYTC

26

【0172】配列番号：21

※配列の種類：他の核酸 合成DNA

配列の長さ：29

配列の特徴：

配列の型：核酸

その他の情報：3番目及び18番目のヌクレオチドNはイ

鎖の数：一本鎖

ノシンを、他のNは、A、G、C又はTを表す。

トポロジー：直鎖状

※

## 配列

TGNCGIGART CDGGYTCGA NGCRTCRAA

29

【0173】配列番号：22

★配列の種類：他の核酸 合成DNA

配列の長さ：30

配列の特徴：

配列の型：核酸

20

その他の情報：19番目のヌクレオチドNはイノシンを、

鎖の数：一本鎖

他のNは、A、G、C又はTを表す。

トポロジー：直鎖状

★

## 配列

RTGRCTHGAR TCDGGYTCGA ANGRCRCRAA

30

【0174】配列番号：23

☆起源

配列の長さ：2780

生物名：ダイズ (Glycine max cv. Clark63)

配列の型：核酸

配列の特徴：

鎖の数：二本鎖

特徴を表す記号：CDS

トポロジー：直鎖状

存在位置：156..2405

配列の種類：cDNA to mRNA

☆30

## 配列

TCTTCCATTG GAGGAACATT TCCTCTGGA ATAGAAATAC TACCACACTT TTCTTTTTC 60

ACTTCTCTAA GTTGCTAAGT TAATGCTCC TTCATTTTTT CACTCTTGGT TCTCGGGTAC 120

CCGTGTCACG GTAACCTCGT GTGAGGTGTT CGAAA ATG ACT GTC ACA CCT AAG 173

Met Thr Val Thr Pro Lys

1 5

ATC TCA GTT AAC GAT GGG AAA CTT GTT GTC CAT GGT AAG ACC ATT CTG 221

Ile Ser Val Asn Asp Gly Lys Leu Val Val His Gly Lys Thr Ile Leu

10 15 20

ACT GGA GTG CCA GAC AAC GTT GTG CTG ACT CCA GGT TCT GGA AGG GGT 269

Thr Gly Val Pro Asp Asn Val Val Leu Thr Pro Gly Ser Gly Arg Gly

25 30 35

CTT GTG ACT GGT GCT TTT GTT GGT GCC ACA GCT TCA CAC AGC AAA AGT 317

Leu Val Thr Gly Ala Phe Val Gly Ala Thr Ala Ser His Ser Lys Ser

40 45 50

CTC CAT GTG TTT CCA ATG GGT GTT TTA GAG GGG CTC CGG TTC ATG TGT 365

Leu His Val Phe Pro Met Gly Val Leu Glu Gly Leu Arg Phe Met Cys

55 60 65 70

TGT TTC CGG TTC AAG TTA TGG TGG ATG ACT CAG AGA ATG GGA ACT TGT 413

Cys Phe Arg Phe Lys Leu Trp Trp Met Thr Gln Arg Met Gly Thr Cys

57	75	80	85	
GGG AGG GAT GTT CCT CTG GAG ACT CAA TTC ATG CTT ATT GAG AGC AAA				461
Gly Arg Asp Val Pro Leu Glu Thr Gln Phe Met Leu Ile Glu Ser Lys				
90	95	100		
GAG AGT GAA ACT GAT GGG GAG AAT TCT CCA ATC ATC TAC ACT GTC TTG				509
Glu Ser Glu Thr Asp Gly Glu Asn Ser Pro Ile Ile Tyr Thr Val Leu				
105	110	115		
CTT CCT CTC CTC GAA GGT CAA TTC CGA GCT GTT CTT CAA GGC AAT GAC				557
Leu Pro Leu Leu Glu Gly Gln Phe Arg Ala Val Leu Gln Gly Asn Asp				
120	125	130		
AAG AAC GAG ATA GAG ATT TGC CTC GAG AGT GGG GAT AAT GCA GTT GAG				605
Lys Asn Glu Ile Glu Ile Cys Leu Glu Ser Gly Asp Asn Ala Val Glu				
135	140	145	150	
ACT GAC CAA GGC CTT CAC ATG GTT TAC ATG CAT GCT GGG ACC AAT CCC				653
Thr Asp Gln Gly Leu His Met Val Tyr Met His Ala Gly Thr Asn Pro				
155	160	165		
TTT GAA GTC ATC AAT CAA GCT GTC AAG GCT GTG GAA AAA CAC ATG CAA				701
Phe Glu Val Ile Asn Gln Ala Val Lys Ala Val Glu Lys His Met Gln				
170	175	180		
ACT TTT CTT CAT CGT GAG AAG AAA AGG TTG CCA TCT TGT CTT GAC TGG				749
Thr Phe Leu His Arg Glu Lys Lys Arg Leu Pro Ser Cys Leu Asp Trp				
185	190	195		
TTT GGA TGG TGC ACA TGG GAT GCT TTC TAT ACT GAT GTC ACA GCT GAG				797
Phe Gly Trp Cys Thr Trp Asp Ala Phe Tyr Thr Asp Val Thr Ala Glu				
200	205	210		
GGT GTT GAG GAA GGC CTG AAA AGT CTA TCA CAG GGA GGT ACA CCT CCA				845
Gly Val Glu Glu Gly Leu Lys Ser Leu Ser Gln Gly Gly Thr Pro Pro				
215	220	225	230	
CGA TTC CTC ATC ATA GAT GAT GGT TGG CAA CAG ATT GAA AAT AAA GCA				893
Arg Phe Leu Ile Ile Asp Asp Gly Trp Gln Gln Ile Glu Asn Lys Ala				
235	240	245		
AAG GAT GCT ACT GAA TGT TTG GTA CAA GAA GGA CCA CAG TTT GCT ACT				941
Lys Asp Ala Thr Glu Cys Leu Val Gln Glu Gly Ala Gln Phe Ala Thr				
250	255	260		
AGG TTG ACT GGT ATT AAA GAG AAT ACT AAA TTT CAA AAG AAA TTA CAG				989
Arg Leu Thr Gly Ile Lys Glu Asn Thr Lys Phe Gln Lys Lys Leu Gln				
265	270	275		
AAC AAT GAG CAG ATG TCA GGT CTG AAG CAT CTA GTA CAT GGA GCA AAG				1037
Asn Asn Glu Gln Met Ser Gly Leu Lys His Leu Val His Gly Ala Lys				
280	285	290		
CAG CAT CAC AAT GTG AAA AAT GTA TAT GTA TGG CAT GCA CTA GCT GGT				1085
Gln His His Asn Val Lys Asn Val Tyr Val Trp His Ala Leu Ala Gly				
295	300	305	310	
TAT TGG GGT GGA GTG AAG CCA GCA GCA ACC GGC ATG GAA CAT TAT GAC				1133
Tyr Trp Gly Gly Val Lys Pro Ala Ala Thr Gly Met Glu His Tyr Asp				
315	320	325		
ACT GCC TTG GCA TAT CCA GTG CAG TCA CCA GGC GTG CTA GGA AAG CAA				1181
Thr Ala Leu Ala Tyr Pro Val Gln Ser Pro Gly Val Leu Gly Asn Gln				
330	335	340		
CCA GAC ATT GTC ATG GAC AGC TTG GCT GTA CAT GGC CTT GGC CTA GTG				1229

Pro Asp Ile Val Met Asp Ser Leu Ala Val His Gly Leu Gly Leu Val	
345 350 355	
CAC CCA AAG AAG GTT TTC AAT TTC TAC AAC GAG CTC CAT GCT TAC TTA	1277
His Pro Lys Lys Val Phe Asn Phe Tyr Asn Glu Leu His Ala Tyr Leu	
360 365 370	
GCT TCT TGT GGA GTA GAT GGA GTG AAG GTT GAT GTG CAG AAC ATT ATT	1325
Ala Ser Cys Gly Val Asp Gly Val Lys Val Asp Val Gln Asn Ile Ile	
375 380 385 390	
GAG ACC CTT GGT GCG GGA CAT GGT GGC CGA GTG TCA CTT ACT CGC AGC	1373
Glu Thr Leu Gly Ala Gly His Gly Gly Arg Val Ser Leu Thr Arg Ser	
395 400 405	
TAT CAT CAC GCG CTT GAG GCT TCC ATT GCT AGC AAT TTT ACT GAT AAC	1421
Tyr His His Ala Leu Glu Ala Ser Ile Ala Ser Asn Phe Thr Asp Asn	
410 415 420	
GGA TGC ATT GCG TGT ATG TGT CAC AAC ACT GAT GGA CTT TAT AGT GCT	1469
Gly Cys Ile Ala Cys Met Cys His Asn Thr Asp Gly Leu Tyr Ser Ala	
425 430 435	
AAG CAG ACT GCT ATT GTG AGA GCT TCT GAT GAT TTT TAC CCT CGT GAT	1517
Lys Gln Thr Ala Ile Val Arg Ala Ser Asp Asp Phe Tyr Pro Arg Asp	
440 445 450	
CCT GCT TCC CAT ACC ATC CAT ATT TCT TCT GTT GCA TAC AAC TCA CTA	1565
Pro Ala Ser His Thr Ile His Ile Ser Ser Val Ala Tyr Asn Ser Leu	
455 460 465 470	
TTC CTT GGA GAA TTC ATG CAA CCT GAC TGG GAC ATG TTT CAT AGT TTA	1613
Phe Leu Gly Glu Phe Met Gln Pro Asp Trp Asp Met Phe His Ser Leu	
475 480 485	
CAC CCA GCA GCA GAT TAT CAT GCT GCA GCT CGT GCA ATT GGT GGA TGT	1661
His Pro Ala Ala Asp Tyr His Ala Ala Ala Arg Ala Ile Gly Gly Cys	
490 495 500	
CCT ATT TAT GTT AGT GAC AAG CCA GGC AAT CAC AAT TTT GAT CTT CTT	1709
Pro Ile Tyr Val Ser Asp Lys Pro Gly Asn His Asn Phe Asp Leu Leu	
505 510 515	
AAG AAG CTG GTT CTC CCG GAT GGT TCG GTT CTC CGT GCT CAG TTA CCT	1757
Lys Lys Leu Val Leu Pro Asp Gly Ser Val Leu Arg Ala Gln Leu Pro	
520 525 530	
GGC AGG CCA ACT CGT GAT TCT CTA TTT GTG GAT CCA GCC AGA GAT AGG	1805
Gly Arg Pro Thr Arg Asp Ser Leu Phe Val Asp Pro Ala Arg Asp Arg	
535 540 545 550	
ACT AGC TTG CTC AAA ATA TGG AAC CTG AAC AAA TGC TCT GGA GTT GTT	1853
Thr Ser Leu Leu Lys Ile Trp Asn Leu Asn Lys Cys Ser Gly Val Val	
555 560 565	
GGT GTA TTT AAG TGC CAA GGT GCT GGA TGG TGC AAG ATA GAG AAG AAA	1901
Gly Val Phe Asn Cys Gln Gly Ala Gly Trp Cys Lys Ile Glu Lys Lys	
570 575 580	
ACC GGC ATC CAT GAT ACA TCT CCT GGT ACA CTC ACC GCC TCT GTC TGC	1949
Thr Arg Ile His Asp Thr Ser Pro Gly Thr Leu Thr Ala Ser Val Cys	
585 590 595	
GCC TCT GAT GTT GAC CTC ATC ACA CAA GTA GCA GGT GCT GAA TGG CTT	1997
Ala Ser Asp Val Asp Leu Ile Thr Gln Val Ala Gly Ala Glu Trp Leu	
600 605 610	



61	62
GGA GAT ACA ATT GTT TAT GCT TAC AGA TCA GGT GAG GTG ATT CGG CTA	2045
Gly Asp Thr Ile Val Tyr Ala Tyr Arg Ser Gly Glu Val Ile Arg Leu	
615 620 625 630	
CCA AAA GGG GTT TCA ATT CCA GTG ACA CTA AAA GTT CTG GAG TTT GAG	2093
Pro Lys Gly Val Ser Ile Pro Val Thr Leu Lys Val Leu Glu Phe Glu	
635 640 645	
CTT TTC CAC TTC TGT CCA ATC CAA GAA ATA GCT CCA AGT ATA TCA TTT	2141
Leu Phe His Phe Cys Pro Ile Gln Glu Ile Ala Pro Ser Ile Ser Phe	
650 655 660	
GCA GCA ATA GGG CTA CTG GAT ATG TTC AAC ACT GGA GGA GCA GTG GAG	2189
Ala Ala Ile Gly Leu Leu Asp Met Phe Asn Thr Gly Gly Ala Val Glu	
665 670 675	
CAG GTT GAG ATT CAT AAC CGA GCA GCA ACG AAA ACA ATA GCT CTT AGT	2237
Gln Val Glu Ile His Asn Arg Ala Ala Thr Lys Thr Ile Ala Leu Ser	
680 685 690	
GTA AGG GGA AGA GGC AGA TTT GGA GTT TAC TCC TCC CAG AGA CCA CTG	2285
Val Arg Gly Arg Gly Arg Phe Gly Val Tyr Ser Ser Gln Arg Pro Leu	
695 700 705	
AAG TGT GTG GTA GGT GGC GCT GAA ACC GAC TTC AAC TAT GAC TCA GAG	2333
Lys Cys Val Val Gly Gly Ala Glu Thr Asp Phe Asn Tyr Asp Ser Glu	
715 720 725	
ACC GGG TTG ACA ACC TTC TCC ATT CCA GTT TCT CCA GAG GAG ATG TAC	2381
Thr Gly Leu Thr Thr Phe Ser Ile Pro Val Ser Pro Glu Glu Met Tyr	
730 735 740	
AGA TGG TCA ATA GAG ATC CAA GTT TGAGTCTTT TTAAGACTTG GTGTTGATG	2435
Arg Trp Ser Ile Glu Ile Gln Val	
745 750	
CATTGTTGTA TCAGGAGAG GGTITTTGTT TAATTAAGCA TTGAGGGAAT TGTGTAGTC	2495
AGGCAGAGAG AGAGGGGGGA GGTITTTGTT AGACACCTA GTATTAGTAT CATGTAGTGG	2555
AGAAAAAGGG TTGTTGATCC TAATAGCTAG ACAAGGCATG TTGTAGTAGT CATGGGGTGG	2615
GGAGTCTTT TTGTTGTAGC ATGTATTTG GTTTAGACTT GTAGTAGTGC ATCAATTAGA	2675
TGGATAAAGA GAGAATATTG TTATCTACCC GAGGATGTAA CAATGTTTGT TTCTCTGAAT	2735
AAAAAGTTCA CATCTCTCTT TTGGAATAAT AAAAAAATAA AAAA	2780

【0175】配列番号：24

配列の長さ：750

配列の型：アミノ酸

\* トポロジー：直鎖状

配列の種類：タンパク質

\*

配列

Met Thr Val Thr Pro Lys Ile Ser Val Asn Asp Gly Lys Leu Val Val	
1 5 10 15	
His Gly Lys Thr Ile Leu Thr Gly Val Pro Asp Asn Val Val Leu Thr	
20 25 30	
Pro Gly Ser Gly Arg Gly Leu Val Thr Gly Ala Phe Val Gly Ala Thr	
35 40 45	
Ala Ser His Ser Lys Ser Leu His Val Phe Pro Met Gly Val Leu Glu	
50 55 60	
Gly Leu Arg Phe Met Cys Cys Phe Arg Phe Lys Leu Trp Trp Met Thr	
65 70 75 80	
Gln Arg Met Gly Thr Cys Gly Arg Asp Val Pro Leu Glu Thr Gln Phe	
85 90 95	
Met Leu Ile Glu Ser Lys Glu Ser Glu Thr Asp Gly Glu Asn Ser Pro	

63

	100		105		110
Ile Ile Tyr Thr Val Leu Leu Pro Leu Leu Glu Gly Gln Phe Arg Ala					
	115		120		125
Val Leu Gln Gly Asn Asp Lys Asn Glu Ile Glu Ile Cys Leu Glu Ser					
	130		135		140
Gly Asp Asn Ala Val Glu Thr Asp Gln Gly Leu His Met Val Tyr Met					
	145		150		155
His Ala Gly Thr Asn Pro Phe Glu Val Ile Asn Gln Ala Val Lys Ala					
			165		170
Val Glu Lys His Met Gln Thr Phe Leu His Arg Glu Lys Lys Arg Leu					
	180		185		190
Pro Ser Cys Leu Asp Trp Phe Gly Trp Cys Thr Trp Asp Ala Phe Tyr					
	195		200		205
Thr Asp Val Thr Ala Glu Gly Val Glu Glu Gly Leu Lys Ser Leu Ser					
	210		215		220
Gln Gly Gly Thr Pro Pro Arg Phe Leu Ile Ile Asp Asp Gly Trp Gln					
	225		230		235
Gln Ile Glu Asn Lys Ala Lys Asp Ala Thr Glu Cys Leu Val Gln Glu					
			245		250
Gly Ala Gln Phe Ala Thr Arg Leu Thr Gly Ile Lys Glu Asn Thr Lys					
	260		265		270
Phe Gln Lys Lys Leu Gln Asn Asn Glu Gln Met Ser Gly Leu Lys His					
	275		280		285
Leu Val His Gly Ala Lys Gln His His Asn Val Lys Asn Val Tyr Val					
	290		295		300
Trp His Ala Leu Ala Gly Tyr Trp Gly Gly Val Lys Pro Ala Ala Thr					
	305		310		315
Gly Met Glu His Tyr Asp Thr Ala Leu Ala Tyr Pro Val Gln Ser Pro					
			325		330
Gly Val Leu Gly Asn Gln Pro Asp Ile Val Met Asp Ser Leu Ala Val					
	340		345		350
His Gly Leu Gly Leu Val His Pro Lys Lys Val Phe Asn Phe Tyr Asn					
	355		360		365
Glu Leu His Ala Tyr Leu Ala Ser Cys Gly Val Asp Gly Val Lys Val					
	370		375		380
Asp Val Gln Asn Ile Ile Glu Thr Leu Gly Ala Gly His Gly Gly Arg					
	385		390		395
Val Ser Leu Thr Arg Ser Tyr His His Ala Leu Glu Ala Ser Ile Ala					
			405		410
Ser Asn Phe Thr Asp Asn Gly Cys Ile Ala Cys Met Cys His Asn Thr					
	420		425		430
Asp Gly Leu Tyr Ser Ala Lys Lys Gln Thr Ala Ile Val Arg Ala Ser Asp					
	435		440		445
Asp Phe Tyr Pro Arg Asp Pro Ala Ser His Thr Ile His Ile Ser Ser					
	450		455		460
Val Ala Tyr Asn Ser Leu Phe Leu Gly Glu Phe Met Gln Pro Asp Trp					
	465		470		475
Asp Met Phe His Ser Leu His Pro Ala Ala Asp Tyr His Ala Ala Ala					
			485		490
Arg Ala Ile Gly Gly Cys Pro Ile Tyr Val Ser Asp Lys Pro Gly Asn					

(34)

特開平11-123080

65

66

500 505 510  
 His Asn Phe Asp Leu Leu Lys Lys Leu Val Leu Pro Asp Gly Ser Val  
 515 520 525  
 Leu Arg Ala Gln Leu Pro Gly Arg Pro Thr Arg Asp Ser Leu Phe Val  
 530 535 540  
 Asp Pro Ala Arg Asp Arg Thr Ser Leu Leu Lys Ile Trp Asn Leu Asn  
 545 550 555 560  
 Lys Cys Ser Gly Val Val Gly Val Phe Asn Cys Gln Gly Ala Gly Trp  
 565 570 575  
 Cys Lys Ile Glu Lys Lys Thr Arg Ile His Asp Thr Ser Pro Gly Thr  
 580 585 590  
 Leu Thr Ala Ser Val Cys Ala Ser Asp Val Asp Leu Ile Thr Gln Val  
 595 600 605  
 Ala Gly Ala Glu Trp Leu Gly Asp Thr Ile Val Tyr Ala Tyr Arg Ser  
 610 615 620  
 Gly Glu Val Ile Arg Leu Pro Lys Gly Val Ser Ile Pro Val Thr Leu  
 625 630 635 640  
 Lys Val Leu Glu Phe Glu Leu Phe His Phe Cys Pro Ile Gln Glu Ile  
 645 650 655  
 Ala Pro Ser Ile Ser Phe Ala Ala Ile Gly Leu Leu Asp Met Phe Asn  
 660 665 670  
 Thr Gly Gly Ala Val Glu Gln Val Glu Ile His Asn Arg Ala Ala Thr  
 675 680 685  
 Lys Thr Ile Ala Leu Ser Val Arg Gly Arg Gly Arg Phe Gly Val Tyr  
 690 695 700  
 Ser Ser Gln Arg Pro Leu Lys Cys Val Val Gly Gly Ala Glu Thr Asp  
 705 710 715 720  
 Phe Asn Tyr Asp Ser Glu Thr Gly Leu Thr Thr Phe Ser Ile Pro Val  
 725 730 735  
 Ser Pro Glu Glu Met Tyr Arg Trp Ser Ile Glu Ile Gln Val  
 740 745 750

【0176】配列番号：25

配列の長さ：26

配列の型：核酸

配列

ATSCAVCTG ACTGGGATAT GTTCCA

\*鎖の数：一本鎖

トポロジー：直鎖状

\* 配列の種類：他の核酸 合成DNA

26

【0177】配列番号：26

配列の長さ：26

配列の型：核酸

配列

CGAAGGAYYG AWCCATCAGG AARIHAM

\*鎖の数：一本鎖

トポロジー：直鎖状

\* 配列の種類：他の核酸 合成DNA

26

【0178】配列番号：27

配列の長さ：253

配列の型：核酸

鎖の数：二本鎖

配列

GGCTTATGCA ACCTGACTGG GAATGTCCA TAGTCTACAC CCAACTGCAG AGTACCATGC 60  
 TGCAGCGCT GCAGTGGGTG GATGCGCAAT CTATGTCAGT GATAAGCCAG GCAACCAACA 120  
 CTTTGATCTA TTGAGGAAGC TGGTCTTCCC TGATGGTTCA GTTCTTCGGG CTAAGCTCCC 180  
 GGGTAGGCGT ACCCGTGAAT GCTTATTCGC TGATCCAGCT AGAGATGGGA TCAGCTTGCT 240

★トポロジー：直鎖状

配列の種類：cDNA to mRNA

起源

★ 生物名：シロイヌナズナ (*Arabidopsis thaliana*)

67

CAGATCTGG AAT

68

253

【0179】配列番号: 28

配列の長さ: 10

配列の型: アミノ酸

\* トポロジー: 直鎖状

配列の種類: ペプチド

配列

Phe Gly Trp Cys Thr Trp Asp Ala Phe Tyr

1

5

10

【0180】配列番号: 29

配列の長さ: 13

配列の型: アミノ酸

トポロジー: 直鎖状

※配列の種類: ペプチド

配列の特徴:

10 その他の情報: 8番目のアミノ酸aaはAla又はCysを表す。

配列

Val Tyr Val Trp His Ala Leu Xaa Gly Tyr Trp Gly Gly

1

5

10

【0181】配列番号: 30

配列の長さ: 15

配列の型: アミノ酸

★トポロジー: 直鎖状

配列の種類: ペプチド

配列

His Asn Phe Asp Leu Leu Lys Lys Leu Val Leu Pro Asp Gly Ser

1

5

10

15

【図面の簡単な説明】

【図1】 ラフィノース合成反応によって生じるラフィノース生成量と反応時間との関係を示す図。

【図2】 ラフィノース合成酵素のSDS-ポリアクリルアミドゲル電気泳動の結果を示す模式図。Mは分子量マーカーを、Sはラフィノース合成酵素を含む試料を示す。数字は分子量(kDa)を表す。

【図3】 ラフィノース合成酵素活性に対する反応温度の影響を示す図。

【図4】 ラフィノース合成酵素活性に対する反応pHの影響を示す図。

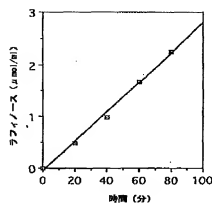
☆の影響を示す図。

【図5】 ラフィノース合成酵素活性に対するミオイノシトールの影響を示す図。

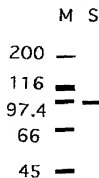
【図6】 ラフィノース合成酵素の安定pH範囲を示す図。

【図7】 合成プライマーとペプチドのアミノ酸配列との関係を示す図。RはA又はGを、YはC又はTを、MはA又はCを、KはG又はTを、DはG、A又はTを、HはA、T又はCを、BはG、T又はCを、NはG、A、T若しくはCを、Iはイノシンを表す。

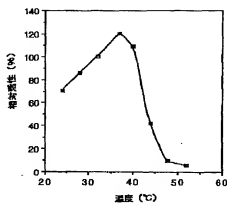
【図1】



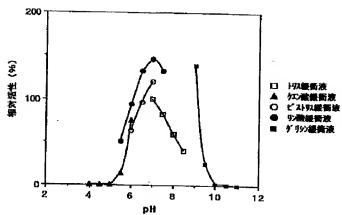
【図2】



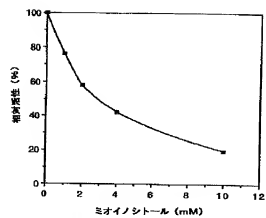
【図3】



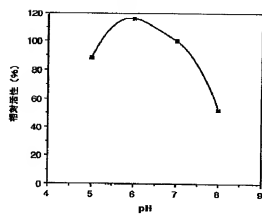
【図4】



【図5】



【図6】



[図7]

(配列番号6) A1 5'-TTT TAT CTB ACE GTN GAY COT CA -3'  
 (配列番号7) A2 5'-TTT TAT CTB ACE GTN GAY CCC CA -3' B1 5'-GAR GGN GTN MGN CAN CTR GTN GAY GC -3' (配列番号10)  
 (配列番号8) A3 5'-TTT TAT CTB ACE GTN GAY CCA CA -3' B2 5'-GAR GGN GTN MGN CAN CTR GTN GAY GC -3' (配列番号11)  
 (配列番号9) A4 5'-TTT TAT CTB ACE GTN GAY CCG CA -3' B3 5'-GAR GGN GTN MGN CAN CTR GTN GAY GC -3' (配列番号12)  
 Phe Gly Trp Cys Thr Trp Asp Ala Phe Tyr Leu Thr Val His Pro Gln Gly Val Ile Glu Gly Val Arg His Leu Val Asp Gly Gly Cys  
 (配列番号13) 3'-CTT CCG CAN KCI GTR GAR CAI CTR CC -5' B1  
 (配列番号14) 3'-CTT CCG CAN KCI GTR GAR CAI CTR CC -5' B2  
 (配列番号15) 3'-CTT CCG CAN KCI GTR GAR CAI CTR CC -5' B3

D1 5'-TTT GAY GGN TON GAR CDE GAY TCD CCG CA -3' (配列番号15)  
 D2 5'-TTT GAY GGN TON GAR CDE GAY TCD AGT GAY -3' (配列番号16)

C1 5'-GTN GGN TGT TTY GTN GGT TTY GAY GC -3' (配列番号13)  
 C2 5'-GTN GGN TGT TTY GTN GGT TTY GAY GC -3' (配列番号14)

Pro Val Ser Val Gly Cys Phe Val Gly Phe Asp Ala Ser Glu Pro Asp Ser Arg His  
 3'-AAR CTR CGN AGI CTY GSD CTR AGR GCI GT -5' D1 (配列番号21)  
 3'-AAR CTR CGN AGI CTY GSD CTR AGR TCR GTR -5' D2 (配列番号22)

E 5'-GAY GAR GAY CTR ATC GTN GT -3' (配列番号17)  
 Tyr Asp Gln Asp Gln Met Val Val Gln Val Pro Trp Pro  
 (配列番号3)